



⑬ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 198 18 620 A 1**

⑦① Aktenzeichen: 198 18 620.7  
⑦② Anmeldetag: 21. 4. 98  
④③ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 16/00**  
C 07 K 14/435  
A 61 K 38/17  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/11  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
// (C12N 1/21, C12R  
1:19) G01N 33/68,  
33/15

DE 198 18 620 A 1

⑦① Anmelder:  
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE  
  
⑦④ Vertreter:  
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑦② Erfinder:  
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;  
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,  
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,  
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532  
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,  
DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

- ⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal  
⑤① Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -  
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasenor-  
malgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon ko-  
dieren, und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen  
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasen tumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasen tumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasen normalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen-tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

#### Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

#### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1–2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

#### Beispiel 1

##### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1–2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

#### Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

##### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 .x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.203	0.0819	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058	10
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0201	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0111	0.0226	0.4909	2.0372	15
Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626	30
Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoeperichen	0.0139				
Servix	0.0000				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0157	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	45
Lunge	0.0253	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0000	50
Placenta	0.0182	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0377	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0171	65
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0082	65
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0042	

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0102	7.2459	0.1380
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136 0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567 0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400 1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803 0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722 0.3152	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064 0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741 2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000 undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0803			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0128	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0333	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223	1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144	69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointestinal	0.0028		
Gehirn	0.0125		
Haematopoetisch	0.0118		
Haut	0.0000		40
Hepatisch	0.0000		
Herz-Blutgefuesse	0.0000		
Lunge	0.0108		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		45
Placenta	0.0000		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0251		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0259	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0167	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust	0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duenndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0516	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.1087			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0498
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				55
Endokrines_Gewebe	0.0490				
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0194				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
10	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_r	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811	1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088	20
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0125				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0435	0.0338	1.2854	0.7779
	Duenn darm	0.0276	0.0165	1.6683	0.5994
	Eierstock	0.0120	0.0182	0.6579	1.5201
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0176	1.6496	0.6062
10	Gastrointestinal	0.0594	0.0231	2.5679	0.3894
	Gehirn	0.0333	0.0657	0.5062	1.9754
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0413	0.0275	1.5034	0.6652
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0384	0.0164	2.3497	0.4256
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0360	0.5235	1.9102
20	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0779	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0632	0.0447	1.4136	0.7074
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0426			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.1014			
45	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0628			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1293			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0301			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0624			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130	0.2556	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599	1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0426				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0249	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_r	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0309	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0090	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0208	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0634	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0583

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526	0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830	1.0173	
Duennndarm	0.0215	0.0662	0.3244	3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675	1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731	1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144	1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507	2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597	6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169	1.6210	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122	0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439	20
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479	1.3371	
Penis	0.0689	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074	1.1021	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.4183				
Sinnesorgane	0.0588				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0426				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0185	
Placenta	0.0242	45
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0244	55
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0100	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0125	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976	0.7707
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0577	0.2953	3.3861
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.1294	0.0318	4.0643	0.2460
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samerblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Elutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.1376
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0442
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
Brust	0.0307	0.0038	8.1663	0.1225
Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0047	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0230	2.5424	0.3933
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0149	1.4623	0.6838
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0543	0.4208	2.3761
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509 0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333 0.6123	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515 1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710 1.2971	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0870	0.0153	5.6724 0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272 36.7712	
Penis	0.0419	0.0800	0.5241 1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834 0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0333	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0153	2.7966	0.3576
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duenndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0300	0.0390	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0176	2.3288	0.4294
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0200	0.0298	0.6703	1.4919
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0339	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0270	0.0409	0.6604	1.5141
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0240	1.6419	0.6090
	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis	0.0359	0.0533	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0305	0.0255	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0272	1.9640	0.5092
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0470
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597	0.1736	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointesten tinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgef aesse	0.0142				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				55
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				65
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0125				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810	2.0791	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0130	0.6908	1.4477
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0416



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust_Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_r	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018 0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327 0.0612	
Duendarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213 1.6096	10
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400 4.1669	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800	
Herz	0.0138	0.0412	0.3341 2.9932	15
Hoden	0.0403	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628 0.5368	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138 1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496 6.6857	
Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100 0.9901	25
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0410			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038		0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031		0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000		0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053		0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069		0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0033		0.0055	0.5983	1.6714	
Penis	0.0060		0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0028					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0107					
Lunge	0.0072					
Nebenniere	0.0254					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0499					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0012					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	10
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointental	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0253	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0116	
Gastrointestinal	0.0366	
Haematopoetisch	0.0456	
Haut-Muskel	0.0162	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0221	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0077	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
10	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196	0.1263	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0006	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019		0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037		0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032		0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017		0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000		0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0035					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0077					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

,

—

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eiersack	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007		0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0027		0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010		0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027		0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000		0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000		0.0267	0.0000	undef	
Prostata	0.0065		0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0030					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0039					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0036					
Lunge	0.0036					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0077					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0273		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duenndarm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	15
Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Penis	0.0000		0.0000		undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0000						65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684	25
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	30
Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

XOCID: <DE\_\_19818620A1\_1\_>



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000		undef	undef	
Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000		undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef	
Herz	0.0000		0.0000		undef	undef	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef	
Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0000						
Samenblase	0.0089						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0000						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0000						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0000						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0000						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0077						
Uterus_n	0.0000						65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

FOETUS		
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0462	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

73

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
60	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
65	Uterus_n 0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0585	0.0077	7.6272	0.1311
	Brust 0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm 0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0118	0.0062	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
	Herz 0.0244	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0320			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
65	Uterus_n 0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013		0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000		0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000		0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011		0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010		0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000		0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000		0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					30
Cervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0012					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0057					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0026	27.4580	0.0364
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0090				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0458				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Cervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				30
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus n	0.0000				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0102	6.1018	0.1639
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0050	3.7359	0.2677
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0139	2.2089	0.4527
	Gehirn	0.0214	0.0082	2.6099	0.3832
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0360	0.0137	2.6213	0.3815
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0041	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0548	0.2478	4.0351
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6800
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781	0.0936
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396	0.1344
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0201			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0310			
Uterus_n	0.0000			

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391	0.1873
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000		0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000		0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000		0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000		0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011		0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000		0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000		0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000		0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Wasse_Blutkoerperchen	0.0000					30
Cervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					35
Entwicklung	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					40
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefasse	0.0000					
Lunge	0.0000					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					45
Placenta	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					50
Brust	0.0000					
Eierstock_n	0.0000					
Eierstock_t	0.0000					
Endokrines_Gewebe	0.0000					55
Foetal	0.0000					
Gastrointestinal	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0000					
Hoden	0.0000					60
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0113	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0329	0.2025	4.9386
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0333	0.0323	1.0294	0.9714
	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0082	1.9051	0.5249
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
20	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0697			
65	Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372 1.3564	
Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000 undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645 1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425 0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342 0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757 3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679 0.5082	
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207 1.2185	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948 1.6813	20
Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731 1.4857	
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260 0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734 1.4851	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0154	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0026		7.6272	0.1311
	Brust	0.0051		0.0094		0.5444	1.8368
	Duendarm	0.0092		0.0165		0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119		0.0150		0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0030		0.0103		0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0052		0.0020		2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0120		0.1428	7.0040
20	Niere	0.0081		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381		0.0068		5.6113	0.1782
25	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
	Zervix	0.0106					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Haut	0.2513					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0185					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0709					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0194					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0250					

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290	0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0208				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestin	0.0083
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167



## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667	3.7502	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968	5.0816	
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997	2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493	4.0114	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661	1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0181				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0229	0.0062	3.7198	0.2688
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
20	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0142
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0175
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0389
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0251
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0310
65	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819
Brust	0.0166	0.0132	1.2638	0.7912
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999	1.1112
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samerblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
Zervix	0.0106			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0260	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0507	
Niere	0.0247	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093	5	
Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245		
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722		
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	10	
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000		
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200		
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000		
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937		
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933		
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000		
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	20	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef		
Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421		
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815		
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0064					
Prostata-Hyperplasie	0.0059					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0118				30	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078					
Zervix	0.0213					
FOETUS						
	%Haeufigkeit				35	
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointestenlinal	0.0056					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000					
Hepatisch	0.0000				45	
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0108					
Nebenniere	0.0000					
Niere	0.0000					
Placenta	0.0000				50	
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit				55	
Brust	0.0408				60	
Eierstock_n	0.1595					
Eierstock_t	0.0101					
Endokrines_Gewebe	0.0000					
Foetal	0.0029					
Gastrointestinal	0.0122				65	
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0130					
Hoden	0.0154					
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0000					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Uterus_n	0.0000					

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Jamenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0051	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0104	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0126	0.0123	1.0199	0.9804
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0102	1.4225	0.7030
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2286
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0185
	Placenta	0.1030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0192
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0324
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0208



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0156		0.0000		undef	0.0000	5
Brust	0.0115		0.0132		0.8750	1.1429	
Duennndarm	0.0092		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0090		0.0052		1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0050		0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030		0.0041		0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef	
Herz	0.0127		0.0000		undef	0.0000	15
Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef	
Lunge	0.0042		0.0000		undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0050		0.0000		undef	0.0000	
Penis	0.0180		0.0000		undef	0.0000	
Prostata	0.0109		0.0085		1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064						
Prostata-Hyperplasie	0.0059						
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000						30
Zervix	0.0319						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0000						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0125						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0107						
Lunge	0.0108						
Nebenniere	0.0254						
Niere	0.0000						45
Placenta	0.0121						
Prostata	0.0249						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0051						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0099						
Gastrointestinal	0.0122						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0259						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0082						
Nerven	0.0100						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0042						65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0077	4.0678	0.2458
	Brust	0.0192	0.0019	10.2079	0.0980
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0118	0.0164	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0275	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0239	0.0102	2.3370	0.4279
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.2762

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0198
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330	0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829	10
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0580	0.0230	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378	0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0507				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0816				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400 1.8520	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771 12.9706	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0340			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestin	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035	0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0667	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0203	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0140	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Flutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0195		0.0026		7.6272	0.1311	5
Brust	0.0038		0.0019		2.0416	0.4898	
Duenn darm	0.0000		0.0000		undef	undef	
Eierstock	0.0120		0.0052		2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0000		undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007		0.0051		0.1440	6.9448	
Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef	
Herz	0.0042		0.0137		0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef	
Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034		0.0000		undef	0.0000	
Niere	0.0000		0.0000		undef	undef	20
Pankreas	0.0066		0.0276		0.2393	4.1785	
Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef	
Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000						
Prostata-Hyperplasie	0.0089						
Samenblase	0.0178						
Sinnesorgane	0.0000						
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035						30
Zervix	0.0000						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						35
Entwicklung	0.0139						
Gastrointestinal	0.0028						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0000						
Herz-Blutgefuesse	0.0000						
Lunge	0.0036						
Nebenniere	0.0000						
Niere	0.0062						45
Placenta	0.0121						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						50
Brust	0.0000						
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0000						
Endokrines_Gewebe	0.0000						55
Foetal	0.0017						
Gastrointestinal	0.0000						
Haematopoetisch	0.0057						
Haut-Muskel	0.0130						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.0000						
Nerven	0.0020						
Prostata	0.0000						
Sinnesorgane	0.0000						
Uterus_n	0.0083						65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0368	0.0165	2.2244	0.4496
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.1258	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0319	1.5013	0.6661
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0272	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0541

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
		%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0819	0.0383	2.1356 0.4682	5
Brust	0.0473	0.0320	1.4811 0.6752	
Duennndarm	0.0460	0.0331	1.3903 0.7193	
Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190 0.8204	
Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576 1.3199	
Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984 0.1725	10
Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557 0.8653	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881 1.0121	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882 1.7000	
Herz	0.0382	0.0825	0.4626 2.1618	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0384	0.0184	2.0886 0.4788	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0537	1.0805 0.9255	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416 0.4669	
Niere	0.0489	0.0479	1.0196 0.9808	20
Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986 2.0057	
Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0610	0.0617	0.9883 1.0118	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.2206			
Prostata-Hyperplasie	0.0773			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0737			30
Zervix	0.0319			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0278			
Gastrointestinal	0.0361			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0157			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0260			
Herz-Blutgefuesse	0.0818			
Lunge	0.0325			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0432			45
Placenta	0.0303			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0340			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0233			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0285			
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0154			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0261			
Prostata	0.1163			
Sinnesorgane	0.0929			
Uterus_n	0.0416			65

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391	0.1873	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0035	
Gastrointestinal	0.0000	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	60
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0167	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0077	4.5763	0.2185
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0083			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0142				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0026	7.6272	0.1311
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796	
Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415	1.0622	10
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526	15
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142	
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191				
Zervix	0.0106				30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0062	
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0076	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0162	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0082	60
Nerven	0.0120	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0749	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840	2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5100
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0470			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0000			

## DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	55
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	60
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz.

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgeführt sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.



TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZF (EZF), Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1964	
8	99.61	Homo Sapiens angiotensin II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (HRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLIM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain prote n CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-I (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucosyltransferase-related protein (PGMRP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F1707	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus jun dimerization protein 2 (jdp-2)	140	314	
37	97.54	G gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.salivus mRNA for lipoxigenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Eir-3 (eir-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4)	270	560	
56	97.54	Homolog			
57	97.54	unbekannt	149	851	
58	98.22	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
59	99.85	unbekannt	218	268	
60	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
61	97.54	unbekannt	219	1389	
62	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
63	99.06	unbekannt	205	681	
64	97.54	Saccharomyces cerevisiae chromosome VIII cosmid 9780	244	1116	
65	99.03	unbekannt	226	226	
		Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A.vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zle)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone C11987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL1666	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone C11987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F25965	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B.taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

## DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	
	133	15
26	134	
	135	
	136	20
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	40
31	149	
	150	
	151	45
	152	
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	35	162
		163
	36	164
10		165
		166
	37	167
15	38	168
	39	169
		170
20		171
	40	172
		173
25		174
	41	175
		176
30		177
	42	178
		179
35		180
	43	181
	44	182
40		183
		184
	45	185
		186
45		187
	46	188
		189
50		190
	47	191
		192
55		193
	48	194
		195
60		196
	49	197

65

# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	
	201	10
	202	
51	203	
	204	15
	205	
52	206	
	207	20
	208	
53	209	
54	210	25
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	45
	223	
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	60
65	233	

## DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
	70	245
25		246
		247
	71	248
30		249
		250
	72	251
35		252
		253
	73	254
40		255
		256
	74	257
45		258
		259
	75	260
50	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
	79	267
60	80	268
		269

65



# DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	
	273	10
82	274	
	275	
	276	15
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	35
87	289	
	290	
	291	40
88	292	
	293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

## DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5		306
	94	307
	95	308
10		309
		310
	96	311
15		312
	97	313
		314
20		315
	98	316
		317
25		318
	99	319
	100	320
30		321
	101	322
	102	323
		324
35		325
	103	326
		327
40		328
	104	329
		330
45		331
	105	332
		333
50	106	334
		335
		336
55	107	337
		338
		339
60	108	340
		341

65

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	35
116	361	
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	122	378
	123	379
		380
10		381
	124	382
		383
15		384
	125	385
		386
20		387
	126	388
	127	389
25		390

Die erfindungserfindenden Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

#### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrass 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cggtgaagta	gatgcacaac	agtgtatgct	tgaaatcttg	gatactgcag	gaacggagca	60
atttacagca	atgagggatt	tatacatgaa	aaatggacaa	ggatttgcag	tagttttattc	120
catcacagca	cagtccacat	ttaacgattt	acaagacctg	agagaacaga	ttcttcgagt	180
taaagacact	gatgatgttc	caatgattct	tggttggaat	aagtgtgact	tggaagatga	240
aagagttgta	gggaaggaac	aaggtcaaaa	tctagcaaga	caatggaaca	actgtgcatt	300
cttagaatct	tctgcaaaaat	caaaaataaa	tggttaatgag	atcttttatg	acctagtgcg	360
gcaaattaac	agaaaaactc	cagtgcctgg	gaaggctcgc	aaaaagtcac	catgtcagct	420
gctttaatat	actaaatgca	ttgtagctct	gagccaggtc	tgaagaactg	ttgccaatt	480
caacagtgcc	agcattccaa	ctttgttaaa	cctaccaaca	tcttaaatgg	actttcctgt	540
gggtggtagcc	tttaagaggc	ggatgaaagc	tactatatca	gtttgcacat	tctaatacact	600
ttccagtatc	acaagagaga	ttttacttta	tataatagtc	ctagagtttg	cagctggtaa	660
aaccagaggc	tacatccagt	attactgcta	agagacattc	ttcatccacc	aatggtgtac	720
algtatgaaa	atgggtgtact	gtatacttta	acatgcccc	tactttgtat	tggaagagtac	780
aataatgtaa	atcctaaaaag	caccactatt	ttagcataat	aaaagaaagt	ccaaagagct	840
cctatataga	ctactccaga	taacttcgct	tctttgatac	ttgtagctta	ttgtaatttt	900
ttttaagaaa	ttcaagggtca	ttattattgt	acaaaataag	cgctttgatt	aacacagcta	960
tatagttttt	tttaattttta	aaaaacctgt	ggagacggtg	atcttgtctt	taaaacatga	1020
tagtcctttc	agtataatgt	cttagattaa	agacgttgcc	tttaatatct	gttggaagg	1080
aaatgtccag	acttttcaaa	tctcttatta	tatgtttcct	ttttttgttt	acatagggaa	1140
caatgtttat	agtcgtgtgt	acagtggggg	tctacaacaa	gaagtgtata	ttttcaaaca	1200
attltttaat	gatttaacaa	tttttgtaaa	tcattttcag	gcttctgcag	ctgtagattc	1260
tcactgtgaa	tcccttgctt	gctcatgcat	aagtgtattt	gcaataccaa	atatacaggt	1320
ttagtatttt	tgctgttag	tgattgtttc	acatgtgtaa	cgttttggtt	gagatgttaa	1380
atggtggacg	agtactgtgg	atgtgaatgt	gggaagtaat	tttaatcata	tgtaattggt	1440
cacaaggcct	aatttgcagt	aactattgct	gttttattta	acaatgcctt	gttgctttgt	1500
atgcattaat	gtttggatgt	aaagattgtg	tgcttatcca	acagggagcc	acagtattta	1560
aattgaccaa	cctaattgta	caactacttt	gaggtggcca	aatgtaaaact	aaaagcctta	1620
attaaagtgg	tgcaattttg	tataacttag	catcagtagt	tcaataaatt	tggaattgcc	1680
tgcaagggct	tgcaattataa	aaaaaaacaa	aaaaaaaaaa	aa		1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

60

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

cggtctgagg aggcgggtctc ttcgtgcacc cacttggggc ctggaccccc tctcagcaat 60
ggccaccggc cggtctgcaca cgacttcccc ctggggcgggc actccccagc aggactaccc 120
cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcagggactg tcaccctgcc ctgccgcttc 180
ctcccggttt ccatccccac ccggggccca attaccatc cttcctgccc gatcagatgc 240
agccgcaagt cccgccgctc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcattgccag 300
aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgat cgtggccccg gaaaaggacc gccaccaca 360
cttgtgatta cgcgggtctc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420
tgcgaaccca cacaggtgag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480
tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaaca cacggggcac cgcccgttcc 540
agtgccaaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcggacca cctcgcctta cacatgaaga 600
ggcattttta aatcccagac agtggatatg acccacactg ccagaagaga attcagtatt 660
ttttactttt cacactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcactacaat 720
catggtcaag ttcccaactg agtcattctg tgagtggata atcaggaaaa atgagggaatc 780
caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaatt 840
ctaaatccga cttgaatatt cctggactta caaaatgcc aaggggtgac tggaaagttgt 900
ggatatcagg gtataaatta tatccgtgag ttgggggagg gaagaccaga attcccttga 960
attgtgtatt gatgcaatat aagcataaaa gatcaccttg tattctcttt accttctaaa1020
agccattatt atgatgttag aagaagagga agaaattcag gtacagaaaa ccatgtttaa1080
atagccta at gatggtgttt gtgagcttgg tcctaaaggt cccaacaagg gagccaaagg1140
tttaaactgc tggatccttg gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

gcgaacccgc ggcgtgcccg gtccctgcgct gccagcggg aggggctgga ccccgcttc 60
ctcctccctg ccgggtcccca tccttaaagc gagagtctgg acgccccgc tgtgggagag 120
agcgccggga tccggacggg gagcaaccgg ggcaggcctg gccggctgag gaggtcctga 180
ggctacagag ctgccgcggc tggcacacga gcgcctcggc actaaccgag tgttcgcggg 240
ggctgtgagg ggagggcccc gggcgccatt gctggcggtg ggagcgccgc ccggtctcag 300
cccgccctcg gctgctctcc tcctccggct gggagggggc gtagctcggg gccgtcgcca 360
gccccggccc gggctcgaga atcaagggcc tcggcgcccg tcccgagct cagtccatcg 420
cccttgccgg gcagcccggg cagagaccat gtttgaacaag acgcggtgc cgtacgtggc 480
cctcgatgtg ctctgcgtgt tgcctggctg attgcctttt gcaattctta cttcaaggca 540
tacccttcc caacgaggag tattctgtaa tgatgagtc atcaagtacc cttacaaaga 600
agacaccata ccttatgcgt tattaggtg aataatcatt ccattcagta ttatcgttat 660
tattcttggg gaaacctgt ctgtttactg taaccttttg cactcaaatt cttttatcag 720
gaataactac atagccacta tttacaaagc cattggaacc tttttatgtg gtgcagctgc 780
tagtcagtc ctgactgaca ttgccaagta ttcaatagga agactgcggc ctcacttctt 840
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaatacta 900
catatgtcga gggaatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtccttct attcaggcca 960
ctcttcgttt tccatgtact gcatgctgtt tgtggcactt tatcttcaag ccaggatgaal1020
gggagactgg gcaagactct tacgccccac actgcaattt ggtcttgttg ccgtatccat1080
ttatgtgggc ctttctcgag tttctgatta taaacaccac tggagcgatg tgttgactgg1140
actcattcag ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgta tatgtatcgg atttcttcaal1200
agaaagaact tcttttaag aaagaaaaga ggaggactct catacaactc tgcataaaac1260
accaacaact gggaatcact atccgagcaa tcaccgcct tgaaggcag cagggtgcccl320
aggtgaagct ggcctgtttt cttaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcatc1380
tttcttcctg ggtgtacaag ccctttttaa gaccttctgc tggctgcgat gcctcttggal1440
atgcacagtt gtgtgtaaca gagttacctt aactcgtg 1478

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45

(A) LÄNGE: 411 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel 50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN 60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: 65

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

```

gccacatttc cgggggttttg cggggccccc gatgtttttcc agagcttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg cccggggcgtc caccggagtc ctgccagctg120
tccggcgctg ggggtggacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180
acttctcagg actgacacct acagcatcag gtacacagct tctcctagca tgacttcgat240
ctgatcagca aacaagaaaa tttgtctccc gtagttcttg ggcgtgttca ccacctacaa300
ccacagagct gtcattggctg ccatctctac ttccatccct gtaattttac agccccagtt360
cacagccatg aatgaaccac agtgcttcta caacgagtcc attgccttct t 411

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt tttttttcag tttcacattg acatttttat 120
taacgccaac tgttttttaa ttattttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180
gcagtctcac aatctgatga ccttctgaaa taccgttaag ccacacccaa tatgaatttc 240
tgttaataac acaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaa aaaaggtagg gaaagaagaa 300
gggaatgaga ttttagattta aaactcattg gattaaatag gtgaggctta ttagtaggat 360
atactgttga agcaaacagt ggcacacaca ggcttacagt ctttgttttt taaaccagtt 420
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaatgaa 480
ccgggagaa g ccagtgttga tactgttgtg aagaggttca agagctggct tttcagacaa 540
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga tctttttatt 600
tctattgtct cacttatata aatttcaggg ttcttataag tcatctttta aaagaaaaaa 660
ataatgtata tcagtttctc ttatttaatg tggctatgaa agatgtttcc ttattatttc 720
ttcatctcta agaaggacac cagggaatgg ggggtggggg tggaactaaa gggaggaaaa 780
aaaccagAAC agggtaggtt tttgtttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840
gtcacacaga agggaaggca aggaggaaaa ctaaactaca atccttggtt cagattgagt 900
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttgga 960
attatgcact gactccaact atgtgatacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

```



```

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gctccttgca gaacccaatt cacaaaaatg1090
ctcttcacca agaagcctct agtttctctt tggtaggtta taacaaacaga acatctgtca1140
ttaacagtag agtggttaaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag ttccacagtt1200
tcgttatgct ctatttttatt actatcatat ttacattttt atttttttatt ttttttttgc1260
tgaattgctg attttctctt ttcaatagaa ttttaattctg gagtgtgagc aggaaccagt1320
taactacatt cattgtccaa cccccactgg tttgaaagaa gactccaaat tcttggcata1380
tgaatcagct gttcggtagc tccaccttat ccctgcagcg aagcagcaga accgccaatg1440
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccttc cgctgaagga ggtactggtg1500
gatgctctca gcatctcgct ttagccagcg agcattcagc agaatatatt cacaacactg1560
ctggatggtg cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaagcct taacctctcc1620
agccatttta tcaactgcaa atccctcaac tgatagctgc aaaacaatgg ttttaaacag1680
taagtgaaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaaata ataatataa1740
gtgcgcaggc cccaatata atagtagtag gggga

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

cgggtggggg gggagcagg ggggacagtg ccccggaac ccggtgggtc acacacacgc 60
actgcgcctg tcagtagtgg acattgtaat ccagtcggct tgttcttgca gcattcccgc 120
tcccttccct ccatagccac gtcctaaacc ccagggtagc catggccggg taaagcaagg 180
gccatttaga ttaggaaggt ttttaagatc cgcaatgtgg agcagcagcc actgcacagg 240
aggaggtgac aaaccatttc caacagcaac acagccacta aaacacaaaa agggggattg 300
ggcggaagt gagagccagc agcaaaaact acattttgca acttggttgg gtggatctat 360
tggctgatct atgcctttca actagaaaat tctaattgatt ggcaagtcac gttgttttca 420
ggtccagagt agtttctttc tgtctgcttt aaatggaaac agactcatac cacacttaca 480
attaaggtca agccagaaa gtgataagt gaggaggaa aagtgcaggt ccattatgta 540
atagtacag caaagggacc aggggagagg cattgccttc tctgccaca gtctttccgt 600
gtgattgtct ttgaatctga atcagccagt ctcagatgcc ccaaagtttc ggttcctatg 660
agcccgggg atgatctgat cccaagaca tgtgggggg cagcctgtgc ctgcctttgt 720
gtcagaaaaa ggaaccaca gtgagcctga gagagacggc gattttcggg ctgagaaggc 780
agtagttttc aaaaacata gttaaaaaag aacaaatga aaaaaatttt agaacagtc 840
agcaattgct tagtcagggt gaattgtgaa attgggtgaa gagcttagga ttctaattctc 900
atgttttttc cttttcacat ttttaaaaga acaatgacaa acaccactt atttttcaag 960
gttttaaaac agtctacatt gagcatttga aaggcgtgct agaacaagg ctcctgatcc1020
gtccgaggct gcttcccaga ggagcagctc tcccaggca tttgccaagg gaggcggatt1080
tccctggtag tgtagctgtg tggctttcct tctgaagag tccgtggttg ccctagaacc1140

```

```

taacaccccc tagcaaaact cacagagctt tccgtttttt tctttcctgt aaagaaacat1200
ttcctttgaa cttgattgcc tatggatcaa agaztttcag aatggcctgc ctgtcccccc1260
gcacttttta catatatttg ttccatttct gcagatggaa agttgacatg ggtggggtgt1320
5 ccccatccag cgagagaggt tcaaaagcaa aacatctctg cagtttttcc caagtaccct1380
gagatacttc ccaaagccct tatgtttaat cagcgatgta tataagccag ttcacttaga1440
caacttttacc cttcttggtc aatgtacagg aagtagttct aaaaaaatg catattaatt1500
tcttccccca aagccggatt cttaattctc tgcaacactt tgaggacatt tatgattgtc1560
cctctggggc aatgcttata cccagtggag atgctgcagt gaggtgtgaa agtggcccc1620
10 tgcggcccta gcctgaccgc gaggaagga tggtagatc tgttaactct tgaagactcc1680
agtatgaaaa tcagcatgcc cgcctagtta cctaccggag agttatcctg ataaattaac1740
ctctcacagt tagtgatcct gtccctttta cacctttttt gtgggggttct ctctgacctt1800
tcatcgtaaa gtgctgggga ccttaagtga ttgacctgta attttgatg attaaaaaat1860
gtgtatatat attagctaat tagaaatatt ctacttctct gttgtcaaac tgaaattcag1920
15 agcaagttcc tgagtgcgtg gatctgggtc ttagttctgg ttgattcact caagagttca1980
gtgctcatac gtatctgctc attttgacaa agtgccctcat gcaaccgggc cctctctctg2040
cggcagagtc cttagtggag gggtttacct ggaacattag tagttaccac agaatacggg2100
agagcaggtg actgtgctgt gcagctctct aatgggaat tctcaggtag gaagcaacag2160
cttcagaaa agctcaaaat aaattggaaa tgtgaatcgc agctgtgggt tttaccaccg2220
20 tctgtctcag agtcccagga ccttgagtgt cattagtta tttattgaag gttttagacc2280
catagcagct ttgtctctgt cacatcagca atttcagaac caaaaggag gctctctgta2340
ggcacagagc tgcactatca cgagcctttg tttttctcca caaagtatct aacaaaacca2400
atgtgcagac tgattggcct ggtcattggg ctccgagaga ggaggtttgc ctgtgatttc2460
ctaattatcg ctagggccaa ggtgggattt gtaaaacttt acaataatca ttctggatag2520
25 agtctctggg ggtccttggc agaactcagt taaatctttg aagaatattt gtagttatct2580
tagaagatag catgggaggt gaggattcca aaaacatttt atttttaaaa tatcctgtgt2640
aacacttggc tcttggtacc tgtgggttag catcaagttc tcccagggt agaattcaat2700
cagagctcca gtttgcatth ggatgtgtaa attacagtaa tcccatttcc caaacctaaa2760
atctgttttt ctcatcagac tctgagtaac tgggtgctgt gtcataactt catagatgca2820
30 ggaggctcag gtgatctgtt tgaggagagc accctaggca gcctgcaggg aataacatac2880
tggcgtttct gacgtgtgc cagcagatac acaggacatg gatgaaattc ccgtttcctc2940
tagttttctt cctctgtact cctcttttag atcctaagtc tcttacaaaa gctttgaata3000
ctgtgaaaaat gttttacatt ccatttcatt tgtgtgttt ttttaactgc attttaccag3060
atgttttgat gttatcgctt atgttaatag taattccgt acgtgttcat tttattttca3120
35 tgctttttca gccatgtatc aatattcact tgactaaaat cactcaatta atcaataaaa3180
a
3181

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 60 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 65 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

```

gcaacatgtc tgcacccaac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60
cagtgaaggg gcacatttcc atccgctcca agtctgcgcc actgcoctct gcggctgctc 120
accagcagca gctgtatggc cgtagcccat cggcagttgc catgcaggct ggcctcgcg 180
cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggtaaatct gatgcctact cccgcctata 240
atgtcaattc catgaatatg aacaccttga atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300
ccatgatgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtatc 360
ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccta taccagcag cctatgcagc 420
ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctccca tcacagctac atgaacgctg 480
ctggcgtgcc caagcagtc acaacggac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540
gcaatcaaaa acttaaatat atataaataa aggaaccttt tatactgaca aaccagagaa 600
aaatggacct ttttccagtt aaaatatgtc tgtagattta gaggaatttt tctttgggtt 660
attttatttt ttgaaaaacc tgatcttctc ttttttggg ttcattttgt tctgggtttt 720
ggttttcttc acaatcttga acattttaca gtagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780
tggggaaaca tgcacaaaat cttttcataa ttaaaaagag ccttactttc tttacatacc 840
acatggacag aatttgtgta aaagtgaatt atctttattt taaaatgtat gtttccctc 900
actgtttgca gctcccaatg ttgtcatttt taaatgttat atacatctca aggtttaacc 960
agacctttc ctccaaaccc aacctttcat ttctacttc attccagcag gaggcactta1020
ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaactat taaagtgagg1080
caggaaaatg cttctccttt taaaacccc tccactcctc acacacacac acctcttga1140
acccttcccc aagaatgttt ctttatagac ggacttcatt gaaatctttg ttgttcttga1200
atcaagtgtat atataatttt tttcttcttt tttaaaatat tcccactcag cactcagaga1260
cacaaaaata ctgtaagtct caattaacag cagaatctca gagaaaagct gtttgcaatc1320
caaatccagc ctttgaggga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac1380
ctttgttttt ttaccacct ggtgaatcag ccataacgca cacacacgcc acccagcctc1440
ttgtttctag tatgtacttt gaaatgctaa ctgagggtct tgatgcttga gcctttgact1500
gataaaactc aaatagcagt cccagtgat ttgcctctta ggttctttct taaattgttg1560
gtggatgact gtacatttta gtgatttgaa aaataactga caaaccattg aaacagttta1620
ttttatgttg gaagagatgg cgcagatgtg tgtcagaagg gagatcacgg tgtgagtttc1680
gtagctattt aagtataca tacctctagt tttgtatgt cttttgagat cctgagttca1740
tcccctgtga atcagagtgc acaagcacct ctctgtgag ttgctaataa gaagagggac1800
agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacagcag aatgttataa cgcaagttca1860
tgrgttgctc ccaactccat tctctttctc ctctgcaac cagtttgccc attctcttcc1920
tattacttgc tccagggata ggtaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1964

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

ggacacccca ggtatgtgga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcttatt tgtggccctg 60  
 gtgatcatgt tctggctcct gattgcctaa tgctgggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120  
 gctctggact ggtgacgtgc caccccaact cctgggtgtt ggcttcctgg ctaatcttga 180  
 10 ctcctggaat cagtgggagc agtaacacat caaggagtct tgtttcttca tcagagcttt 240  
 ggaactcgag accagttggc gatgaccctt gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300  
 acttcaggcc ttggcattga gtcctctctc atgggtgaca ccatgaaatc ttgtttcagc 360  
 cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420  
 ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaagggat gcaccaaatg gtatttctgg 480  
 15 aaattttcat gtctttaaat accccttggg aagttgcttc tgaagccagt gggggctcct 540  
 cagatagaga ggttcccctt tcaaatccca gtgccgctct gttctcttcc ctccccctcc 600  
 cactccccct cttcttctct tgtagagatg caagaaattg ctgtcccata aaaatcataa 660  
 ttgcagtagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatcttttat 720  
 20 tggctctggg ctgtgctcag tgtctttggc ctcagagaac aacttgaatg acttcctggt 780  
 ttcctggcat aaattattcc tgggtgagaca tgtggcttaa ctcacagggt tcccatcagc 840  
 tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctctgccag agaacataca gccgagaata 900  
 ctgccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttggtg 960  
 ggatttggag ctccgaggca gtaataactg aacaagcagc cctgtcccct aggctgcaga1020  
 25 agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tgggggcttt gtcagggtcag1080  
 cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaag ttgtctttta tgaagaggca1140  
 aggaaagggg aaaccacat gtgaccctga ttttggtatg gcttgataga gttccctgaal200  
 aactccttgt atgtgtgcta aaaccaggga agcatgtgac tgccaagcag gcaaccctg1260  
 atgatttga aagccagggt gcagggcctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg1320  
 30 tcttccctcc tgtggaatcg aggggaaatt attcttccca ataccttgat ttgattttcal380  
 gtttcataag cttcttctct tgaatcttat tgagggacta tggtagcaag caggtaggac1440  
 tgttcacctg gtggaacagt tcttgctctg ccttctaggg ttcattccag aaatccagcc1500  
 tctttctgga gaccccaaag ctggaggagg atgggctttc ctctgggccc ctcttctctac1560  
 tttgccatcc aactgctcc tggctaacc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaagc1620  
 35 cccatctaata tggctttttt tttcaatta tggacgtgca ttgttttggt tgggaacaaa1680  
 aggttttgga ggggagatgt gg 1702

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2067 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

gccgcaggct cccggtgttc ccatttcgag aggagctcct ggctgctatt gcaaatacacc 60
aagtctctcat cattgaaggc gagacagggt cagggaagac caccagatc ccgcagtatc 120
tctttgagga gggttatata aacaagggt tgaagattgc ctgcacccaa ccccgagag 180
tggtgccat gagtggtggc gcccgagtgg cccgggagat ggggtgtgaag cttgggaatg 240
aggttggcta cagcatccgc tttgaggact gcacatcaga gcgaactgtc ctccgctaca 300
tgacagatgg gatgcttctc cgggagttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360
tggtgatggg ggatgaggca cacgaaagga ccctacacac agacattctc tttggattga 420
tcaagatgt tgctcgcttc cgacctgagc tcaaggctct ggtggcttca gccacaatgg 480
acactgcccg tttttccacc ttctttgatg acgcccctgt gtttcgaatc cccggacgca 540
ggtttcctgt ggacatcttc tacaccaagg ctccagaggc tgactacttg gaagcttgtg 600
tagtatctgt gttgcagatc catgtgaccc agccccctgg ggatatcctg gtgttcctga 660
caggacagga ggagattgag gctgcctgtg agatgctcca ggatcgctgc cgcgcctgg 720
gctccaaaat ccgggagctc ctggtgctgc ccatttatgc caatctgcc tctgacatgc 780
aggcccgat ctccacgccc acaccacctg gggcacgaaa ggtggttgtg gcaacgaaca 840
ttgcagagac atactcacc attgagggca tcatttatgt gctggatcca gggttctgta 900
agcagaagag ctacaacccc cgcacaggca tggaatcgct cactgtcaca ccctgcagca 960
aggcctcagc caatcagcga gctggcaggg caggctcggg ggctgcaggg aagtgttcc1020
gcctgtatac cgcctgggccc tatcagcacg agcttgagga aaccacagtg cctgagatcc1080
agaggaccag cttgggcaat gtctgtgtgc tgctcaagag cttagggatc catgacctaa1140
tgcactttga tttcctggac cctccacct atgagacact gctgctggct ttggagcagc1200
tgratgctct gggagccctc aaccaccttg gggagctcac cacgtctggt cgaaagatgg1260
cagagctgcc ggtggacccc atgctgtcca aaatgatctt agcctctgag aagtacagct1320
gtccagagga gtcctgaca gtggctgcca tgctctctgt caacaactcc atcttctacc1380
gaccaaagga caaggtcgtc catgctgaça atgcccgtgt caacttcttt ctccctggcg1440
gtgaccacct ggttctgcta aatgtttaca cacagtgggc tgagagtggg tactcttccc1500
agtgtgcta tgagaacttt gtacagtcca gatcgatgcg ccgagcccgg gatgtgcggg1560
aacagctgga aggtctcttg gaacgtgtgg aagttggtct cagttcctgc cagggggact1620
atatcctgt acgcaaggcc atcactgctg gttactttta ccacacggca cggttgactc1680
ggagtggcta ccgcacagtg aaacagcagc agacagtctt cattcatccc aactcctccc1740
tctttgagca acagccagc tggtctctct accacgaact tgtcttgacc accaaagagt1800
lcalgagaca ggtacttgag attgagagca gttggcttct ggaggtggct cccattatt1860
ataagccca qagctagaa gatcccatg ctaagaaaat gcccaaaaa ataggcaaaa1920
cacgaagaa gctagggtaa gagaaggagc taaacagaa ctagaccag ctctttttcc1980
ttctatacat ttttaatac ctattaaata aaattattt tggaataaag cttgtgggaa2040
catttcgcat ctacaaaaaa aaaaaa 2067

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1302 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

ctcgagtga acccatactt gctggtctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60
tgtgcccggg cttggaattc ggtgcgatg gccagctccg ggatgacccg ccgggacccg 120
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggatcggtt cgccatcgcc 180
cggcggtttg cccaggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaagca gcagaatgtg 240
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggcac cgtgtgccat 300
gtggggaagg cggaggaccg ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcatggaggt 360
atcgatatcc tagtctccaa tgctgctgtc aaccctttct ttggaagcat aatggatgtc 420
actgaggagg tgtgggacaa gactctggac attaatgtga aggccccagc cctgatgaca 480
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggcggct cagtgtgat cgtgtcttcc 540
atagcagcct tcagtccatc tcctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagccttg 600
ctgggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccca ggaacattag ggtgaactgc 660
ctagcacctg gacttatcaa gactagcttc agcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720
gaggaaagca tgaaagaaac cctgcggata agaaggttag gcgagccaga ggattgtgct 780
ggcatcgtgt ctttctgtg ctctgaagat gccagctaca tctactggga aacagtgggt 840
gtgggtggag gaaccgcgtc ccgcctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900
gggctctagc tcctgggtgt gttcctgcat tcacccaactg gcctttccca cctctgctca 960
ccttactgtt cacctcatca aatcagttct gccctgtgaa aagatccagc ctccctgcc1020
gtcaaggtgg cgtcttactc gggattcctg ctgttgttgt ggccttgggt aaaggcctcc1080
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggctgagtct acctggcaa agaccaagat1140
attttttcct gggccactgg ggaatctgag gggatgatgg agagaaggaa cctggagtgg1200
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgagggt caaataaaat gcagatgatt1260
gcgcggcctt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

tgggcgcg ccgaaccccg cgcgcactc gctcgtcag agggaggaga aagtggcgag 60
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc ttactccag agatcatggc tgccaggat 120

```

# DE 198 18 620 A 1

gtggtggcga	ctggcgccga	cccaagcgat	ctggagagcg	gcggtctgct	gcatgagatt	180
ttcacgtcgc	cgctcaacct	gctgctgctt	ggcctctgca	tcttcctgct	ctacaagatc	240
gtgcgcgggg	accagccggc	ggccagcggc	gacaggacga	cgacgagccg	ccccctctgc	300
ccgcctcaa	gcggcgcgac	ttcaccgccg	ccgagctgcg	gcgcttcgac	ggcgtccagg	360
acccgcgcac	actcatggcc	atcaacggca	aggtgttcga	tgtgaccaa	ggccgcaa	420
tctacgggcc	cgaggggccg	tatgggtctt	tgtctggaag	agatgcatcc	aggggccttg	480
ccacattttg	cctggataag	gaagcactga	aggatgagta	cgatgacctt	tctgacctca	540
ctgctgcccc	gcaggagact	ctgagtga	gggagtctca	gttcaacttc	aagtatcatc	600
acgtgggcaa	actgctgaag	gagggggagg	agcccactgt	gtactcagat	gaggaagaac	660
caaaagatga	gagtgcccg	aaaaatgatt	aaagcattca	gtggaagtat	atctattttt	720
gtattttgca	aaatcatttg	taacagtcca	ctctgtcttt	aaaacatagt	gattacaata	780
tttagaaagt	tttgagcact	tgctataagt	tttttaatta	acatcactag	tgacactaat	840
aaaattaact	tcttagaatg	catgatgtgt	ttgtgtgtca	caaatccaga	aagtgaactg	900
cagtgtgtga	atacacatgt	taatactggt	tttcttctat	ctgtagttag	tacaggatga	960
atttaaatgt	gtttttcctg	agagacaagg	aagacttggg	tatttcccaa	aacaggtaaa	1020
aatcttaaat	gtgcaccaag	agcaaaggat	caacttttag	tcatgatgtt	ctgtaaagac	1080
aacaaatccc	tttttttttc	tcaattgact	taactgcatg	atttctgttt	tatctacctc	1140
taaaagcaaat	ctgcagtgtt	ccaaagactt	ttggtatgga	taagcactag	gccgctgtcc	1200
cgttaaccaa	aatggaaatc	ttccaaaaca	ggaggctcag	gctggccaaa	aagg	1254

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc	tcattctgcca	ccgcagtctg	gttggagctg	ttgtcttgta	tgctcagcga	60
ggccccggaga	gacccgggag	agagctaggc	cgagtccacc	gcccagatct	gctgccccgag	120
ccgcggttac	gcacaaagcc	gccgatcccc	ggcctggggt	gagcagagcg	accaccgccc	180
gggagcagcg	cggcgagacg	cacggtgcgc	cctatgcccc	cgcgccccca	ccgccccgcg	240
cgcggcagcc	gaagcgcagc	gagagaacgc	gccaccgcgg	ggccccgggtg	cagctagcga	300
ccctctcgcc	acctgcgcgc	agcccaggtg	gagcagtga	cggcgagcgg	gagggcagcg	360
aggcgttcgc	gggccccctc	ctgctgcccc	ggccccggccc	tcatggcggc	catccgcaag	420
aagctggtgg	tggtgggcga	cggcgcgtgt	ggcaagacgt	gcctgctgat	cgtgttcagt	480
aaggacgagt	tccccagagt	gtacgtgccc	accgtcttcg	agaactatgt	ggccgacatt	540
gaggtggacg	gcaagcaggt	ggaggtggcg	ctgtgggaca	cggcggggcca	ggaggactac	600
gacccgctgc	gcccgtcttc	ctaccgggac	accgacgtca	ttctcatgtg	cttctcggtg	660
gacagcccg	actcgctgga	gaacatcccc	gagaagtggg	tccccagagt	gaagcacttc	720
tgtcccaatg	tgcccatcat	cctggtggcc	aacaaaaaag	acctgcgcag	gacgagcatg	780

```

tccgcacaga gctggccgcg atgaagcagg aaccgcgtgc cacggatgac ggccgcgcga 840
tggccgtgcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtct tgccaagacc aaggaaggcg 900
tgccgcgaggt cttcgagacg gccacgcgcg ccgcgctgca gaagcgctac ggctcccaga 960
5 acggctgcat caactgctgc aaggtgctat gagggccgcg cccgtcgcgc ctgcccctgc1020
cggcacggct cccctcctg gaccagtccc ccgcgagccc ggagaagggg agaccctgt1080
cccacaagga cccacccggc ctgcctggca tctgtctgct gacgcctctg gcttgcgccal140
ggacttggcg tgggcaccgg gcgcccccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgtt1200
cacaggcctg ggctcccac tgagtgccaa gggccccctg agcatgcttt tctgaagagc1260
10 cgggcctcag agtgtgtggc tgtgtgtctg ttcgactccc ctgcgcccat tttcacccca1320
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggccggggag tgtggccgcg ccccatcaga1380
tgttcgccct tcaccagcgg gagcttgata tcccttgtct gtaacataga ccccggtac1440
tgccggaggg gcgcgcgtct ggggaggtgt ggggaggtgt atataaatat agatataatt1500
ttattttcgg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggccca1560
15 ggctgggcca gactcccgcc caagcatgaa caggacttga ccatctttcc aaccctggg1620
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggcc1680
agcccgctgc gaacctcca ccagctaccg gagggaggag ggaggatgcg ctgtggggtt1740
gtttttgcca taagcgaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaa1800
actgatgtta tttgatttat ttaaaggcta aaatttgttt ttttattctt tgcacaattg1860
20 tttcattgtt tgacacttaa tgcactcgtc atttgcatac gacagtagca ttctgaccac1920
acttgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttta aaaatgactt ttaacaagga1980
gagggaaaag aaaccacta aattttgctt tgtttccttg aagaatgtgg caacactgtt2040
ttgtgatttt atttgtgcag gtcatgcaca cagttttgat aaagggcagt aacaagtatt2100
ggggcctatt ttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160
25 caccctctga cagagaatac acctgccctt gtatatacct ttttccctc cctccctcc2220
cagtgtact tctactaaat tgttgtcttg ttttttattt tttaaataaa ctgacaaatg2280
acaaaatggg gagcttatga tgtttacata aaagtctct aagctgtgta tacagttttt2340
tatgtaaaat attaaaagac tatgatgatg acatttttat aaaagaaatc ttgtggttta2400
atagtgtgta aaaaatccct tgtgaatttg gaacaaggga gatattctcc taggcgagat2460
30 cctttcttcc caactccgtt tcccttatag caaatgtagt aatgaggat gaagtcctt2520
tgagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1673 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 45
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 55
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accaatgcac atgtagtaat caaatgtttg gggetagata ttatggtata caaaaaacat 60
taaaatcatg tggttgcaa gcaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120
65 aaccacaaat tcaagaaatt ttttaaaaag acaaaaagcca gcttaciaaag atttgaccaa 180

```



# DE 198 18 620 A 1

taaaaccct	cgagcccaca	gccttatcag	ctgsggctga	gggaagactg	gtctaggtgc	240
tgtcctgaa	cttgggtctct	gagccatggc	ttcccataga	cactcaggtc	cctccagcta	300
caaggtggg	accatggcgg	agaagtttga	ctgccactac	tgcaggatc	ccttgcaagg	360
gaagaagtat	gtgcaaaagg	atggccacca	ctgctgcttg	aaatgctttg	acaagttctg	420
tgccaacacc	tgtgtggaat	gccgcaagcc	catcggtgcg	gactccaagg	aggtgcacta	480
taagaaccgc	ttctggcatg	acacctgctt	ccgctgtgcc	aagtgccttc	accccttggc	540
caatgagacc	tttgtggcca	aggacaacaa	gatcctgtgc	aacaagtgca	ccactcggga	600
ggactcccc	aagtgcagg	ggtgcttcaa	ggccattgtg	gcaggagatc	aaaacgtgga	660
gtacaagggg	accgtctggc	acaaagactg	cttcacctgt	agtaactgca	agcaagtcac	720
cgggactgga	agcttcttcc	ctaaagggga	ggacttctac	tgcgtgactt	gccatgagac	780
caagtttgcc	aagcattgcg	tgaagtgcaa	caaggccatc	acatctggag	gaatcactta	840
ccaggatcag	ccctggcatg	ccgattgctt	tgtgtgtgtt	acctgctcta	agaagctggc	900
tgggcagcgt	ttcaccgctg	tggaggacca	gtattactgc	gtggattgct	acaagaactt	960
tgtggccaag	aagtgtgctg	gatgcaagaa	ccccatcact	gggtttggta	aaggctccag	1020
tgtggtggcc	tatgaaggac	aatcctggca	cgactactgc	ttccactgca	aaaaatgctc	1080
cgtgaatctg	gccaacaagc	gctttgtttt	ccaccaggag	caagtgtatt	gtcccgaactg	1140
tgccaaaaag	ctgtaaactg	acaggggctc	ctgtcctgta	aaatggcatt	tgaatctcgt	1200
tctttgtgtc	cttactttct	gccctatacc	atcaataggg	gaagagtggg	ccttcccttc	1260
tttaaagttc	tccttccgct	tttctcccca	ttttacagta	ttactcaa	aagggcacac	1320
agtgatcata	ttagcattta	gcaaaaagca	accctgcagc	aaagtgaatt	tctgtccggc	1380
tgcaatttaa	aaatgaaaac	ttaggtagat	tgactcttct	gcatgtttct	catagagcag	1440
aaaagtgtca	atcatttagc	cacttagtga	tgtaaagca	aagcatagga	gataaaaccc	1500
ccactgagat	gcctctcatg	cctcagctgg	gacccaccgt	gtagacacac	gacatgcaag	1560
agttgcagcg	gctgtctcaa	ctcactgctt	caccccgttt	ctgtggagcc	gggaqaaqq	1620
accctactgg	accatggcat	gggttaact	ttctcatca	ggactctggc	cct	1673

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggccagga	cgccgccgg	cgcggagtgg	ctgcctcg	cggggacact	cagagcccgg	60
tgggcgggag	gaagcgcca	tgcccagac	ggtgatctc	cgggccctg	cgccctgggg	120
cttcaggctc	tcagggggca	tagacttcaa	ccagcctttg	gtcatcacca	ggattacacc	180
aggaagcaag	gcggcactgc	caacctgtgt	cctggagatg	tcactcctgg	tattgacggc	240
tttgggacag	agtccatgac	tcattgctgat	gcgcaggaca	ggattaaagc	agcagctcac	300
cagctgtgtc	tcaaaattga	caggggagaa	actcacttat	ggtctccaca	agtatctgaa	360
gatgggaaag	cccatccttt	caaaatcaac	ttagaatcag	aaccacagga	attcaaacc	420

```

attggtaccg cgcacaacag aaggggcccag ccttttgttg cagctccaaa cattgaigac 480
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataac tcgccaaactg ggtcttattc aactagcaat 540
atacaagatg cgcttcacgg acagctgcgg ggtctcattc ctactcacc tcaaacgag 600
5 cccacagcct cgggtgcccc cgagtcggac gtgtaccgga tgctccacga caatcggaat 660
gagcccacac agcctcgccg gtcgggctcc ttccagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720
ggctctgatg accgtccggc tggaaacggg agtgtgagag ctccggtgac gaaagtccat 780
ggcgggttcag gcgggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840
ggtgctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcaccctg agtgcttcgt gtgtgccgac 900
10 tgcaacctca acctcaagca aaagggtac ttctcatag aaggggagct gtactgcgaa 960
acccacgcaa gagcccgcac aaagccccca gagggctatg acacggtcac tctgtatccc1020
aaagcttaag tctctgcagg cgtggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac1080
gagaagacat tcatggcttt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa1140
gtcaaggctt tagaccttta tctattgtt tattgaggaa aaggaatggg aggcaaatgc1200
15 ctgctatgtg aaaaaaacat acacttagct atgttttgca actctttttg gggctagcaa1260
taatgatatt taaagcaata attttttgta tgtcatactc cacaatttac atgtatatta1320
cagccatcaa acacataaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttccttgaca1380
agttgatatt gcaattgtgg taaatagcaa ataacaatct tgtattctaa cataatctgc1440
agttgtctgt atgtgtttta actattacag tgcatgttag ggagaaattc cctgaatttc1500
20 ttttagttttg tattcaaaca attatgccac tcgatgcaac aaacataata aatacataaa1560
agatttaaaa aataaaaaaa aaaaaaaaaa aaa
1593

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 572 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

55 cattcttttg gcgtgagtc tgcaggtttg cagccagccc caaagggggt gtgtgocgca 60
gcagagcgct ataaatacgg cgcctcccag tgcccacaac gcggcgctgc caggaggagc120
gcgcgggcac aggggtgcgc tgaccgaggc gtgcaaagac tccagaattg gaggcattgat180
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtgggc aggtcctggg240
60 ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcaggga gtaagtacgt300
caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa360
aacaaacgaa gagcgcaaga cactgctcag caacctagaa gaagccaaga agaagaaaga420
ggatgcccta aatgagacca gggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg480
caatgtgacc gtggtgggccc tctggggaga gtgtaagccc ttccttaaac agacctgcat540
65 gaagttgtcg aacgggtggt cagaaagtgg ct
572

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2520 Basenpaare 5

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT: 20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16 30

```

cgctcctcta cccaatTTTT ttttttagag atgaaaggct gcagaaatgt ttattgaata 60
cagtgccagg tttataaata aaacgtatTTT acaatttcca tagagttggc ccccatcag 120
agaggtggtt aaatctccaa acagtttatc tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tccttttcaa atagccatgg tgaagggcaa cttcagtaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttaata aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaagggata cagacagcaa agaatttctg tctcctacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgccagctg gagggataga ttaagacaca 420
ttagtggaat tctagtcact gccaaaggag aaatatatTTT aggatataca ataaataatt 480
caaatgctta aaataattga atgaacggaa gagtagactt gaccaaatTTT acattcgttg 540
ttcagggaaga gattcccagt atgctgaggg gtctgtggtg agctattcct ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttacia gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaaata tgtacaatag ctcatTTTca atgtgtgtaa 720
gttgccgaaa gacaccaatg aaagtgtgca aaaattcatt tgtcaaaaaa tcagaaaaag 780
ccttccttgg caacagtgca tcaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa agggtttgcc aagtactcag 900
cagtttctta tggcaagtct caggctaaag caggatgcca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgtatatatt tatagagtag ttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgccagg acaccagct atttcctctc acaaactcat1080
gcagactaac acccaacgcc tgggctggtc atcccccaa ataccagggc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcacctc tgtcaaaaac tggaaactcag cattccctgg agggggaggg1200
tgtagggttt ctggttccca gacacgatcc tggccataca agaattcctgt ttcaaaggta1260
gtcttttagg atacgttgca ggaccactaa gagtccaccc agcttctaaa gacttgaggg1320
ttagaaggct acatttcgaa aaaacaagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttgaaact1380
accgagaggt catcgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa cttactcaaa ccaggaaacc tatctcacca1500
gaagagaaac cccaaggtaa ccttaggcct tcctttcaga ttcaggtaat taaaaagcc1560
aacccttagc tcatagtgtc aacatctcct ctaccaacca ccagcccaa ggaccagtag1620
cagaagcaca tgggcgatgt ctccctcca ctgctctgac ccaccctctt ggcagaaaat1680
ctaacaagct acaaaatgcc agaaagacag ggagtaggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctcactg ccttgctagc1800
agcctgccac tgttccctgg caaattgaaa ccacccacgc aaacactcaa aacccaatc1860
tccttgctaa taagatacaa ccagttaaca ccgtgaaaaa tgcacatctc cagccttcac1920
ttcaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgcttttaa aggggggttt acagggacca1980

```

```

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagttttgg ttacagggtt ataattagac2040
acaaaattca ctccacactg gagttttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact2100
tggggggaaa aaagcaaaagt caagtcaact tgggaaaaaa aaaaaaagga ggaggaggct2160
5 aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaagggtgac tggtagtgtc ttttaggcat2220
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg cttctaccac acacagcgaa gattgaatta2280
cagacacact aaatcatgtc tcttcgagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat2340
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgcttga gagaaagtgg gttttttttt2400
tccttaagag ctctactgcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccccc2460
10 ctccccccag tgaaaatgca actagacctc catgttccat aaataggatg aagtccctgc2520

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1722 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

cattgttttg caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
tagtcaccat ggccctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
45 actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcaggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaaggt tctgacagac 240
aatggaacta cgccctgcctg cccacaccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgcctgg 300
gggaggagat caacagggct ggcattggaat ggtaccagac gtgctccaac aatgggctgg 360
50 tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgcctgga tcgggagtg cagtcttact 420
gttgctcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctggct aacaacagaa tatccaggtc 480
actatggtga ggaaatggac atgatttcct acaattatga ttactatatc cgaggagcaa 540
caaccacttt ctctgcagtg gaaagggatc gccagtgga gttcataatg tgccggatga 600
ctgaatacga ctgtgaattt gcaaattgtt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660
55 ggaaaggggc cggggacagg aggtgttcca catatgttaa catcagttgg atctcctata 720
gaagtctctg ctgctctctt tcttctctcc tgagctggta actgcaatgc caacttctctg 780
ggcctttctg actagtatca cacttctaataaaaatccaca attaaacat gtttctcact 840
tttcacatgt ttcatagcaa ctgctttata tgactgatga tggcttcctt gcacaccaca 900
tatacagtg ccatgcttac agccgggctt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960
60 tttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020
agagggtcag tgaaggttct ctacagctaa gcctgtttga atgatacgt ggttccccac 1080
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttccactc cctgtctcca catgagccat 1140
gcatgcttag caatccaagt gcagagctct ttgctccagg agtgaggaga ctgggagggt 1200
aaatggggaa atggaagggg ttggaggcag agctgaaaac aggggttgaa ggatttctctg 1260
65 aattagaaga caaacgttag cataccaggt aaggaaaatg agtgacaggg ccagggggaa 1320
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380

```

# DE 198 18 620 A 1

```

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgaccagg ttgaactggg aagtggaaaa1440
aggagtttga gtcactggca cctagaagcc tgcccacgat tcctaggaag gctggcagac1500
accctggaac cctggggagc tactggcaaa ctctcctgga ttgggcctga tttttttggt1560
gggaaaggct gccctgggga tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgca1620
gagatggcgc tatcttctct cctcctgtga tgcctgtctc ccaaccattt gtactcttca1680
ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgctgaa aa 1722

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1648 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcggatgc atcacggctc atcttccggc 60
tcagttcctc cagtgggtgtg cgggccaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120
gatcccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtctga gccctctcat agccatcgca 180
ctgaaaatat cccagattca tgagagaact ggccggaggg gaccactgt catcacctga 240
atagaggaaa gatcactcac cagggccaaa gagagtgtct agcgggagat gcttactga 300
tgcccttcttg ctacctgttt gtgcctctta tgactttgga aaaacaaaag atattttgct 360
tttgggggat agaggggtggg tgggaaaaga aaaaaaatcc atttggtttt ggttttgtcc 420
tattctctca aatgcagcag ggcctttagt tgtctgttaa agctgcacta taattttgta 480
tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactgggct aggcagctgt 540
taatcacaac atttgtgcat cacttgtgcc aagtggagaa atgttctaaa atcacaagag 600
agaacagtgc cagaatgaaa ctgaccctaa gtcccagggtg cccctgggca ggcagaagga 660
gacactccca gcatggagga gggtttatct ttctatccta ggtcagggtct acaatggggg 720
aaggttttat tatagaactc ccaacagccc acctcactcc tgccaccac ccgatggccc 780
tgccctcccc atcccatccc caacatccct gtaccacctt ctctcacatc ttctaaagct 840
ttgtacaaat cacaatgggt cacttccaac aaaatatatc aataggtgtt ttctctctct 900
attttgtaaa tagtattatt ttagctatta agctggatac cttctttcaa attcagccat 960
tcagttgtaa agttgggaag aagtttcttg acaagactct gcaattaaat gcttaaaatt1020
tggaggggat ccttcttga ttacatcaag tatgtttgta catgggttta tacaagttcc1080
tcttgagaag gcaaaaagac caccatgtgt gagagctctt tgacttggcc aataggggcc1140
tatcttaatg cacttgtttg gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaggag1200
aggatgaaat gctgtaaaag taggaaatga agtggaagct ggaagaaaat gtaattgggt1260
gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggac ccctgccggc aagcagagtg1320
tcacagctgg ctttctctac ttgggaaaag ggtactgccg gtctagcagc ctctctgtga1380
ctcagccagg acacccagcg cgtgggacct gtttgtgtct gttttgcttc cttgggaacg1440
gcacagtcac tcacctgtcc atttgcgga atgacctggt gcactttgac tgtaagcaal1500
tgcgttattg ctgtagtcaa ggttagtgca agcaaggaaa cattcccagt aaggtatttg1560

```

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgctag gacttttagtg gccataaaaa1620.  
aagaaattcc taatttcaac cttaaaaa . 1648

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

35

40

45

50

55

```

tgcgccgcgg gctgggtccc accagggaga agcagaattt gcccgcatca tgagcattgt 60
ggaccccaac cgcctggggg tagtgacatt ccaggccttc attgacttca tgtcccgcga 120
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctgggga 180
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccacccgacc aggctgagta 240
ctgcatcgcg cggatggccc cctacaccgg ccccgactcc gtgccagggtg ctctggacta 300
catgtccttc tccacggcgc tgtacggcga gagtgacctc taatccacc cgcgcggccg 360
ccctcgtctt gtgcgcctg cctgccttg cacctccgcc gtcgcccatc tcctgcctgg 420
gttcgggttc agctcccagc ctccaccgg gtgagctggg gccacgtgg catcgatcct 480
ccctgcccgc gaagtgcag tttacaaaat tattttctgc aaaaaagaaa aaaaagttac 540
gttaaaaaac aaaaaactac atattttatt atagaaaaag tattttttct ccaccagaca 600
aatggaaaaa aagaggaaa attaactatt tgcaccgaaa tgtcttggtt tgttgcgaca 660
taggaaaaata accaagcaca aagttatatt ccatcctttt tactgatttt tttttcttct 720
atctgttcca tctgctgtat tcatttctcc aatctcatgt ccattttggt gtgggagtcg 780
gggtaggggg tactcttgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgtgtttgct agctcacttg 840
tccatgaaaa tattttatga tattaaagaa aatcttttga aatggctggt ttttaaggaa 900
gagaatttat gtggcttctc atttttaa atccctcagag gtgtgactag tctctttatc 960
agcacacact taaaaaattt ttaatatgt ctattaaaaa taggacaaac ttggagagta1020
tggacaactt tgatattgct tggcacagat ggtattaaaa aaaccacact cctatgacaa1080
aaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

gcgcgctgat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60
gccgtgtgca gaccgcgctg tggcgaggcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120
tgcgagccgt cttccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gctcggggcc cgctccgacg 180
cggaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgcct caagtgtqqa cqatctggcc 240
actgggcccc ggaatgtcct actggtggag gccgtggtcg tggaatgaga agccgtggca 300
gaggtttcca gtttgtttcc tcgtctcttc cagatatttg ttatcgctgt ggtgagtcg 360
gtcatcttgc caaggattgt gatcttcagg aggatgcctg ctataactgc ggtagagggtg 420
gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480
gtggcaaac aggccatctg gctcgtgact gcgaccatgc agatgagcag aaatgctatt 540
cttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa agtgaagtgc tataggtgtg 600
gtgaaactgg tcatgtagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660
gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taattatatt 720
cctttgtcgc cctccttttt tctgattgat ggttgtatta tttctctga atcctcttca 780
ctggccaaaag gttggcagat agaggcaact ccaggccag tgagctttac ttgccgtgta 840
aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaagtttat 900
gtttagtttg gtagagggtg tatgtataat gctttgttaa agaaccacct ttccgtgcca 960
ctggtgaata gggattgatg aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc ccgtcctggg 1020
ttccttgaac atgttcccat gtaggaggta aaaccaattc tggagtggtc tatgaacttc 1080
cataaataac ttaattttta gtataatgat ggtcctggat tgtctgacct cagtagctat 1140
taaataacat caagtaacat ctgtaacagg ccctacatag aacatacagt tgagtgggag 1200
taaacaaaaa gataaacatg cgtgttaaat gctgttcgag agaaatcgga ataaaagcct 1260
aaacaggaac aacttcatca cagtgttgat gttggacaca tagatggtga tggcaagggt 1320
ttagaacaca ttatttttca agactaaatc taaaaccag agtaaacatc aatgctcaga 1380
gttagcataa tttggagcta ttcaggaatt gcagagaaat gcattttcac agaaatcaag 1440
atgttatatt tgatatactat atcaactaga caactgtgtt tcatattgctg taatcagttt 1500
ttaaaagtca gatggaaaga gcaactgaag tcctagaaaa tagaaatgta attttaactt 1560
attccaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

ggaggcgcg ggagagtagg gtgctgtggt ctgagctaga gggatgaagct ggcggacagg 60
aggatgggag tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcctg 120
ggcggagcagt ctgaatgccg gaatggataa ccgttttgct acagcatttg taattgcttg 180
tgtgtcttagc ctcatctcca ccattctacat ggcagcctcc attggcacag acttctggta 240
tgaatatcga agtccagttc aagaaaattc cagtgtattg aataaaagca tctgggatga 300
attcattagt gatgaggcag atgaaaagac ttataatgat gcaacttttc gatacaatgg 360
cacagtggga ttgtggagac ggtgtatcac catacccaaa aacatgcatt ggtatagccc 420
accagaaagg acagagtcac ttgatgtggt cacaacatgt gtgagtttca cactaactga 480
gcagttcatg gagaaatttg ttgatcccg aaaccacaat agcgggattg atctccttag 540
gacctatctt tggcggtgac agttcctttt accttttggt agtttaggtt tgatgtgctt 600
tggggccttg atcggacttt gtgcttgcat ttgccgaagc ttatatcca ccattgccac 660
gggcattctc catctccttg cagggtctgtg tactctgggc tcagtaagtt gttatgttgc 720
tggaattgaa ctactccacc agaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaatttgg 780
atggctcctt tgccctggct gtgtctctgc tcccttacag ttcattggct ctgctctctt 840
catctgggct gctcacacca accggaaaga gtacacctta atgaaggcat atcgtgtggc 900
atgagcaaga aactgcctgc ttacaattg ccatttttat tttttaaaa taatactgat 960
attttcccca cctctcaatt gttttaattt ttaaattggg ggatatacca ttttattatg 1020
gaaaatccat ttaatttata caccattcac cactaaatac ccccttaaat accccctaaa 1080
atttaagggg ggttacctta aagcgatg                                     1108

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 675 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agggaaagag agagagaggc ctagacgaac acaatcacat gttttctttg ctgttcctcc 60
cgggatgggc ctgttttggg gtttgggact ctgaaccgga gcggggttcc ttcgcttgac120
tttgatcctg gtccttaaat gcctttccc actcccctcc cgtgggttca ggggccaagc180
ggccctcct cagagcacgg gcagcacctg ctcctggacc cctgtgtgcc agcctctgca240
gacgcagctg gtgggagggg gcatggattt ggaggtggag aagtcactcc tggtcctcgg300
agggggtggg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggga ttggtgaggg cggacaggtt360
tctgaggcct ccctagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccaggg ctttccagcg420
cccagcttgg atgataatcc tctgtcccc cactctaagg cctccttgag atttctttgg480
ggtctaccac gtcctctgcc tgtctccagg tggtagagga gatgtggttc ctgtccctct540
cctgggtccc tagggggccc cagggccctt ccctgtagct ttagctgacc ccattggtggt600
gggtgtgggg tctgtgcgcg tgcctcagga agccttggggg ctccaggtta gcggtcccga660
agaacggggg gggag                                     675

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 350 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```

agcagagcaa ggttgggttc gtcctcttg cagaacctcg gctctcagga ggtccttggt 60
ccagggaaca gctgcttctc tgggggctgg ggcttctaac ttccctggca gccctcggc120
actaaccag ctggaacca ggggaacaaa cgccctggag tgccaaaccc ttcgtgtcta180
tttttccag aaaaacgggg gcaatggctg ttgaggagcc catttgggaa gaactggtgc240
ctctaattgg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagttg ggcagggaaa attccttcaa300
acaagggggt ccacccaac ccaggccccg gcttcaaatt gccagaaaaa 350

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ccccccctcc tccggccttt ttttttttat ttaagaaaat ttatttctac ttctacagca 60
gaaatacggg aatgggtacag gtttgggcaa atcatacttt atgaaatgga tcctcatacc120
acatcctttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gatcttcaaa atccagccaa180
cacggatacc tctgtactc tgttttgcc ttcataagctg ctctctctt cagacgagct240
ttcttttcta agttcaagct tgtaaagtc tcgtgtcttt gggcagcctt ctgcccctca300
ataaccatga agatgcatcc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360
cgcatcttgt tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagtctcttg gatttcact420
tcctttttga agcgacctga ccatatgagg atctttttct gccaatccgt aggtttgtgt480
aaaggcactc tgttgtaagt gcgggatgga gtcgcgggac tttcctgttg tttgttgcaa540
aatccattta ttctcttcaa atcagagctt ctggtaagcc ttagagatga ggaaacatct600
ctttcacata acctaaaaca gcttctgtct gccaggcgca gaccgctgag gctcccatg660
gccacttgct actccgccga ccagcgaga acttcgccg ggacggtggc gctggtgagc720
tcaatgtcac ccagcgcttg agtggg                                     746
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

agtgatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttta ttgatgatta ttcaccccca 60  
 gatggaggag tttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120  
 ccaaggaaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180  
 gcccaataaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt 217

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 392 Basenpaare

15

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gcggatccgg cgttctccac tgatcttttc caaggctgta cagacatggc ggcggctttt 60  
 cgggaaggcg ctaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagcagtga ctacgtaaa120  
 aaacaagaat acctcaaagc tcttcggaag aaggctcttg aaaaaaatcc agatgaattc180  
 tactacaaaa tgactcgggt taaactccag ggtggagtac atattattaa ggagactaag240  
 gaagaagtaa ccccgagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatataatagg300  
 aaggggaagag ggtgcagaag ctaagaaaaat cgaagactaa aatcagggcc catctgcggg360  
 ttgcagggga ggcaggaaaa ggttggtttt tt 392

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1796 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

15  cggctcgaac gtattagttg ttcttaattt ttttcccagt aaaatatgga tcttttaaga 60
    agaatttgag aagcaaacaa ttacatgtca tgtcaagggg gtagcagatt ccattcgttt 120
    tcaatattgc cacaataccc agggattaat gctgccacag gggggcaatc tttatttgtc 180
    ttacttcccta ccccttccct gttctgcctc ttaactcag ttaagttggt ctgtttggga 240
20  ccgggaaaag aacccaaaga aaacctgagt ggacagggtc atttctggaa tgcagaaaac 300
    attttaaagg ctagattttt agaataattc caactagcat tctttccatt gatttgaagg 360
    ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420
    ctaagtttza gacttttgtc atgtggtgag tcaataaaga ccattttgat tgtaaaccat 480
    aaaatagttc agcaagtagc ccacagttct ggccaaacag cagacttgct gttttcactt 540
25  ggatccctgg agttgggttg ctaaccttaa tttctatgat gttttctaaa atgaaacttg 600
    ataaagtaga ccaccagctg caccgtgttt tctgtaaaag tattgttagt aagtggccaa 660
    gagacttgag gaaaatacag attttttggt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaa 720
    ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgtaa gcttcccttg 780
    aaaatgtttt aaatatttag gaagctttta aaagacacta aattgtactc taaaagacac 840
30  taaattgtac taattgtaca aaggtcaagc caattttatg aaacagtcct acagagtaat 900
    atatgtgatg cagtgttaaga aggaaaatac tcatctctaa cattatggta ataacattta 960
    gcctcttagg agttggagca gggggatggg taattacaga ttgcagact atagaaagag1020
    ttccattttt ttgtgacccc acagagtcctc aaatttttat ttcactacct gctagagcct1080
    actgtgaaat cactgtccca tatttgccag tggaggaaat gggcatagag tagagaatag1140
35  cttcatatct ttacacgttt gcatagacta cacacatgtc atgcgtttat ggcaggtagc1200
    tggatattat tccccaaagt aataatgttg aagtatgggt ctcatcattc ccatacacag1260
    aaacacacaa cactttgatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat1320
    aatagagcca ctggtttaat gtttcctcaa gataggtttt agtgtaagct agtattctgt1380
    gtgttcctag aaatgattca atacctgcag ctggtgaatt aggaattgta tttgttgctt1440
40  tt-ttata:t agatgaggtg caaaaatttt aatgctagtc agtatgcacc accacaggaa1500
    ag-tagatcc cattagcact tgaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gttaatttgg1560
    atttgttact tgattcacct actgaccttt tcttttgttt gaagtgccta tcagcataat1620
    gagctaagtg tcatgcatat ttgtgaagaa acaccctttt tgggtccctt tgggacagag1680
45  aggtactccc tgatctttat gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740
    gtagtgaaat aaagcagaca aagcttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa tgcagc 1796

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 575 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```
ctgaagagca gatcagagggc aggggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ccttagaaaa120
ccagctatac acctgtaccc agaaatactc cccttgggga atgaaaaaag tactactgga180
gatggaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcactgc agaaagtgt240
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctggc300
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgaggct ctgaaggagg actggaggac360
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420
ggggagcaga tagcagggac ttacagatga acccaggccc ttcgattttt ggaaaatgag480
caccaggaa cttcaggcca agattgattg ccttcaaagg ggacagagac ctttgcaact540
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

```
gaagaaaaag aggaggaaaa aggtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtgaag 60
gaaaaaaaaa gtcccttttc gacatcacat tcctgtgttt tcctcagcc tggaaaacat 120
attaatccca gtgcttttac gcccgaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180
ggagataaga aggatcctgg aactttaag agggaaagag tgagattcag aaatcgccag 240
gactggactt taagggacgt cctgtgtcag cacaaggac tggcacacac agacacacga 300
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga taaaaagact tagaaggaca gctcctttca 360
cctcatccta cttgtccaga aggtaaaaag acacagccag aaagaaaagg catcggtcga 420
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcgggtact ctgaaagctg gagctgcagc 480
```

```

acaccccttt tgtattgtct accctcggta aagagagaga gggtggga gaaaagtgt 540
tcattctagga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc tcttgcaccc ctctgcatlc 600
catctctatg agccaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccgtttcact 660
5 atgtgtgttg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc acccccatgc cactattaga 720
ggcagccacg gaggacggaa agtgcctttg gtttctccgg acagcagtag gccagctcgg 780
tttctgaggc acactgggag gtctcgcgga attgagagat ccactctgga ggaaccaaac 840
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgttga gactagctcg cccaacagag 900
ccgccagccc gctcggacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaaag accagcagcc 960
10 aggggtcttc cgcgtgagat gatcagagat gaggggctct cagctcggtc aagaatgttg1020
cgtttccctt cggggtccag ctctcccaac atccttgcca gctttgcagg gaagaacaga1080
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagcctg1140
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctcttc1200
caccaggcag gtgaggaagg aggcaagggt agaaggatca ccagcgaggg ccagatcctg1260
15 gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgatga gcttctgaa gctggagaag1320
ggcaagtgtt gcatgtgtct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat1380
cccgttaggc tggagccat gtacgaggtc atcgaccaag gcccatccg taggatcgag1440
aagatcaggc agaagggtct tgtccagaaa tgtaaggcct ctggtgtaga gggccagggt1500
gtggcgaggg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagcctggg cagcgagaag1560
20 aagaaagagg acccaaggag agcaaaagtc ccaccaacca gagagagtcg ggtgaagggt1620
ctgagaaaaa tggcggccac tgcaccagct ttgccccaac ctccctcaac cccagagcc1680
accacccctc ctccctgccc agccacaaca gtgactcggg ccacgtcccg ggcggtaaac1740
gttgctgcaa gacctatgac caccactgcc tttcccacca cgcagaggcc ctggaccccc1800
tcacccctcc acaggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgccaggag accctcagtt1860
25 tcagagaatc tttaccctcc atcccggaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc1920
aggaggccca gcaaggccac cagcttggag agcttcacaa atgcccctcc caccaccatc1980
tcagaaccca gcacaagggc tgctggccca ggccgtttcc gggacaaccg catggacagg2040
cgggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgccaggtc ctcccaagcc agcaaaggag2100
aaacctccca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat2160
30 gacctcagcc ggccactatg ctctcagctg gaggacgagc tgcaagggtgg gaatgttccc2220
cttaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagcttg agaaaccaga gaaggagaag2280
aaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttactta agagtgaaaa gcaaatgaag2340
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa2400
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaaacact tcacgcagag tccaagaag2460
35 tcagtggccg acctgctggg gtcccttgaa ggcaaacgaa gactccttct gatcactgct2520
cccaaggctg agaacaatat gtatgtgcaa caacgtgatg aatatctgga aagtttctgc2580
aagatggcta ccaggaaaat ctctgtgatc accatcttcg gccctgtcaa caacagcacc2640
atgaaaaatc accactttca gctagataat gagaagccca tgcgagtggg ggatgatgaa2700
gacttggtag accagcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaat gacctacaat2760
40 gacttcttca tgggtgtaac agatgtggat ctgagagtca agcaatacta tgaggtacca2820
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgatc gatactttcc agtcccgaat caaagatatg2880
gagaaccaga agaggggggt tttttttgaa gggggaaaaa cgcccccc 2927

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

tccgtggggc tttaaaaaat ggttgtgggt gtgtggggtt ttttgagggt ggagaggatg 60
tgtgaaaatc ttttccaggg aaatgggttc gctgcagagg taaggatgtg ttccctgtatc120
gatctgcaga caccacagaag gtgggtgcac actgcatgct tgggggtgcc aagggattcg180
agacctccaa catacttgtc tgaagctcgt gccgctggcc atggccctc tgccaagcct240
gtgtgcgatg cccttggtgc tttagtgcac gaagcctagg ctccagaagca cagcagcgcc300
atctttccgt ttcaggggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactatttt360
acctacgtat aaagttttag ttcattgggt gtgcgaaaca ccctttttat cactttttaa420
tttgcacttt attttttttc ttccatgctt gttctctgga catttgggga tgtgagtgtt480
agagctgggt agagaggagt caggcggcct tcccaaccgat ggtcctggcc tccacctgcc540
ctctcttccc tgcctgatca ccgctttcca atttgccctt cagagaactt aagtcaagga600
gagttgaaat tcacaggcca gggcacatct tttatttatt tcattatgtt ggccaacaga660
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaag720
tagggagggt aagaaaaagg gcg

```

10

15

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1667 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

55

```

agagccaata gcatgggggt tacaaggcaa agatagtcac tcattcaaca catattcata 60
gagctccttc tctgtgccag acactgttct ggaagatagc tagatgaaaa tctttgcact 120
cacagagctt acatgccagt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatggg 240
tgggtgttga ggttttttaa gtgtgggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttga 300
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttg gggctaactt cgggatccct gcactttatg 360
taagaatgta aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgttta gaacatatga 420
actgaatgaa atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgat tatacataaa 480
gttctgatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540
tactggacct aactttatca ttaattaggt aatattttcc tcatctcttt actgctgcca 600

```

60

65

```

ttttctcac cagtattcca gagatgggtca tagctcatta ctctaccacc aagaaactaa 660
aaggaattag aatacagcag aattggcctc agtgagagagc tttaaattgt tctcctcgta 720
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780
ccttctagtg gtttgaaaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaatcatat aatcagaatt 840
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaaga ctttagactc tattaatttt 900
aaaaggaata tttattagcc atatgcagaa tttctaataa tgatattgta cagcttctaa 960
ttcacttttc agatcagtggt ttgaaatggc aattatcagt gttggattta gttccaacta1020
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa ggttaaaaga aacagtgaga aatgtaaaca1080
ttcaaaatga taattgaatc tctcagttgt gggaaataat atcagagaca tgcaactga1140
aatgtctcac ctttcatctt tttttcttaa ttcataaagt tatctttagt aatttgatga1200
gacctccta gtcattctca actggggcgg tgctgtcacc gaatgggtgt tgagagtgtt1260
ggggctaggg cacatttttg gttgtcacag caactggggg ggcatttgct gccagtgcc1320
aggaatagta acattatgaa tgccaggagc agtgtgtctc gtaaagctct ccacccaaa1380
ggggcagggc acgggtgtct acgctgttaa tcccagcact ttgggaggcc aagggtgggc1440
gatcacctga tgtcaggggt tcgagaccag cctggccaac atgggtgaaac cctggtgcta1500
ctaaaaatc aaaaattggc tgggtgtggt gtcacatgcc agtaaccca gctactagg1560
aggctgaggc aggagaatca ctgaacccg ggaggcagag gttgcagtga gctgagattg1620
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgagacttca tctcaaa 1667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

cgtggtaggc acttcatcag tgtttactga ttgaaaacat tggtgactgt ggcttctatc 60
agagtgtcta ccttttacag ctctgacctt acctcattta atttgctgct tttaattctac120
gggggctgag aatttgtgaa accagtgttg ttagaagtgt atataatctg aatcaataag180
ctctgaatgg gggacaagaa acgctcttat agcacaaga tgcatggact tcatgacagc240
tcttttggt 249

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare



(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

```

aatggaaggt taattaccgg ggccacacgt gagacggaaa aaaattggga aaacgaaact 60
aaaaatgggt ggggtgaatt tctaccctaa gtccagccgt ggtggctgca ctggcacaga 120
atactaaact gagtgtgact attttcaatg caacaaatga aaaaacaaaa tgtgcctgtt 180
taaagcactc agtagagggc tgatgaaact aatttttttt cctttaagac atgcactctt 240
gagtcctaca gtaactgagt gtttgtttag acagcacaag aaggggtgag agtgcgtctc 300
ctagccttaa tgtgggaggg tagtttcagt cactcatcgg ctttcattat tgtgcagaaa 360
tattagaaaa cctcattgat caattttatg tatttgaata tcagcaaatt gaaattttcc 420
ataattatca ttaatttgta accacatcca gtgtcatgct tactccttag agttcagatg 480
aatctcttaa attaaaaaaa aactccatag tactaatttt gtttctttat atagtgttgcg 540
tttgatatta gtgcttgcaa ttgtattaaa gtcaaaaagct gatttttatg gcatacacaa 600
gaatgccact ttttctttta ttccatacca ataattttaa gattgatatg ctaaaaacaa 660
tttgcacagc actaaagcat gagctacttt catctaaacc tgtaaaaata tgaaagattt 720
ttatattttt tcaactggga gaaattcttc ctggatgaaa ttacaaatat gtgtagaata 780
tatttaataa aagacttata aaatacctaa ctacaggact taaaatatag attggcgcg 840
agtatataga acaatattcc atataaataa gtttagcctt tataaaaatg aagttgcagg 900
ctgacattac attctgtact tactaagtgt caacagccct tacaacattt aaatgtaaat 960
ggtttcaa at ggtcagcgtt gttttaaagt aatcatgtta ttttattcat tgttaatgct 1020
ttgatgaaaa ggctttatat gcagtatgac tacgaaaata ttgttcatac tgatcagaat 1080
taaatgtgta tagagcagag ttttaaaatg aatgtaaata gcactaaacg ttttctttct 1140
gcaacctgta cttacagatt cttcctgtaa actaaataaa aaaaaaatga tagtgcaaaa 1200
aaaaaaaaa aaaaaaagag acggagagag gagaaagagg gcgtgg 1246

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 215 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

gggaagcatt ttgatatga tgcaggaaat ctcttcctgg agtcaaaagt tccaagagg 60
tgctgtatatt ttaagaaatg gagtttattt aaataatagt taagcttggtg cccatgttg120
ccgggcaact tttttcaatg gtgcttatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180
gaaataaaac taggaaatgg agaggggggg agaga 215

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctgccgggg gcctggggct cggcgctcgt ccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggccgagc tgggagtcgg gtgcgcatg cgggcggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgcggc ggccgcggga tctcccagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaaa180
accaaacttg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgct agaaaaagca tcaaatccca aaattctgtc ttgtgtcct300
gagatcaaat ggcacttcat tggccacctc cagaaacaaa atgtcaacaa attgatggct360
gtccccaatc tcttcatgct ggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaagtgaac420
agttcctggc agagaaaagg ttctcctgaa aggttaaagg ttatgggtcca gattaacacc480
agcggagaag agagttaaaca tggccttcca ccttcagaga ccatagccat cgtggagcac540
ataaacgcca agtgtcctaa cctggagttt gtggggctga tgaccatagg aagctttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgct cccggaagag660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgctg aacaggttga gctgatcatg ggcagtgccg720
tctgtaaaact gcaa 734

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

30

```

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggg cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagagct agaccagcac tgggccctcc agccccctgg tagcctctgc120
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gccctgaagg180
ttctgcctct ctgttttggg atcgccctcc cctcctcatg tttggggacc tgcaagggtg240
tgaggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300
aaagggatga cttt                                     314

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1839 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

60

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

gcgggcgagg gcggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagtgagag gaggagcttg 60
atggaagcgt gcgagaaggg gcgtaactga tttggaaacc agaggaaagg cgctgttttc 120
10 accgaattag aatcgcgga aaatagagaa gaggttgttt gaaggtctcg cgagatcgag 180
tgagtacggc tcgccaaagt ggagcgtctt cgcgatagac acagcaacta ttcagctgcg 240
aggggacggg agaggtggtg agcactctcg cgagatttga aggagcggcg gaggccagag 300
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaat gctgaaacgg gcctgatttt 360
15 ctctaccgga agcccttttc cagaggctgg gaacacggcc cacctagcag gaagtccac 420
ctccttgagc tccgccaccc ttcccgaagt tttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480
ctttccgcgt tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgcctccc acccagctcc 540
actaaacggc cttcccgctt cctgtggttg tggcgctgt gctgtgggga gcggccccga 600
cccgggggct cattcgagcg acctcggacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660
20 cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggcctcca ggggttcctt gtggaggctc 720
accagacaa tgctgcagc cccattgccc caccaccccc agcccggtc aatgggtcag 780
tctttattgc gctgcttcca agattcgact gcaactttga cctcaagggtc ctaaatgccc 840
agaaggctgg atatggtgcc gctgtagtac acaatgtgaa ttccaatgaa cttctgaaca 900
tgggtgtgaa tagtgaggaa atccagcagc agatctggat cccgtctgta tttattggg 960
25 agagaagctc cgagtaacct cgtgccctct ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020
tggttccaga caataccttc cccttgggct attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080
gactgctggt tttggccatg ggagcagtaa tgatagctcg ttgtatccag caccgaaac 1140
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gattcctaca catgactatc 1200
agaagggaga ccagtatgat gtctgtgcca ttggcctgga tgaatatgag gatggggaca 1260
30 agctgcgggt actccctgt gctcatgcct accacagccg ctgcgtggac ccctggctca 1320
ctcagaccgg gaagacctgc cccatttgca agcagcctgt tcatcggggg cctggggacg 1380
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag aggaggggtg tgaaggggag ccaagggacc 1440
accctgcctc agaaaggacc ccacttttgg gttctagccc cactcttccc acctcctttg 1500
gttccttagc ccagctccc cttgtttttc ctgggccttc aacagatccc ccactgtccc 1560
35 ctccctcttc ccctgttatc ctggctaat aacccccac acatacacct ctggtgacct 1620
atttgacag accgtcgtct tccctccagt cttctgagg ataggggaca ttccatccca 1680
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gaggggcttt ggggtggggc tggggcaagc 1740
agagggactg ggtcttact tcttgggcta ataaaattgt ttctttgtgg actaaaaaaa 1800
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1931 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cagccgccgc ccatccctct ttgtgtgctt tggaagccg cggagctggt ggtggctaca 60  
 gttggtgttg ggggcttagg cgaggacgt taccgggaag ttgcaggcgg gaggactctt 120  
 ccccatccag tcacctgaca ggtcacaac atgtcagaca aaagtgaatt aaaggctgag 180  
 ttggaacgta agaagcagcg actggcccaa atcagagagg aaaagaagag aaaagaagaa 240  
 gaaagggaaa aaaaagaaac agaccagaag aaggaagctg ttgctcctgt gcaagaagaa 300  
 tcagatcttg aaaaaaaag gagagaagct gaagcattgc ttcaaagcat ggggctaact 360  
 ccagaatccc ccattgtccc tcctcctatg tctccatcct ccaaattctgt gagcactcca 420  
 agtgaagctg gaagccaaga ctctggagat ggccgctggt gatctagacg aggacctatt 480  
 aaacttgtaa tggctaaaat cagcaagtc gactttcctc ctcgagaaat tgtcacgtat 540  
 acaagggaaa ctgagactcc agttatggct caacccaaag aagatgaaga ggaagatgat 600  
 gatgtagtgg ctctaaacc acctattgaa cctgaagaag agaaaacttt aaagaaagat 660  
 gaggaataat atagttaaag tccccctcat gagctgactg aagaagaaaa gcaacaaatc 720  
 ttgcaactctg aggaatTTTT aagtttcttt gaccattcta caagaattgt agaaagagct 780  
 ctttctgagc agattaacat cttctttgac tatagtggga gagatttggg agacaaagaa 840  
 ggagagattc aagcaggtgc taaactgtca ttaaactgac aattttttga cgaacgttgg 900  
 tcaaagcatc ggggtggttag ttgtttggat tggatcctc agtatccgga gttactcgtg 960  
 gcttcctata acaacaatga agatgccctc catgagcctg atgggtgtgg ccttgtatgg1020  
 aatatgaaat acaaaaaaac taccacagag tatgtgtttc actgccagtc agctgtgatg1080  
 tctqccacat ttgcaaaatt tcatccaaat ctgtgtgttg gtggtacata ttcaaggccaa1140  
 attgtgcttt gggataaccg tagcaataaaa agaactccag tgcaagaagc tccactgtca1200  
 gcagctgcac acacacaccc tgtatatgtt gtaaatgttg ttggaacaca aaatgctcac1260  
 aatctgatta gcattctctac tgatggaaaa atttgttcat ggagtctgga catgctttcc1320  
 catccacagg atagcatgga gttggttcat aaacagtcaa aagcagtagc tgtgacatct1380  
 atgtccttcc ctgttggaag tgtcaacaac tttgtgttg ggagtgaaga aggttctgtg1440  
 tacacagcat gccgccatgg cagcaaagct ggaatcagtg agatgtttga ggggcatcaa1500  
 ggaccaatca ctggcatcca ttgtcatgca gctgttggag cagtagactt ctacacatct1560  
 tttgtcactt catcggttga ctggacagta aagcttttga caactaagaa taacaagcct1620  
 ttgtattcat ttgaagataa tgcagactat gtttatgatg ttatgtgttc acctaccac1680  
 ccagccctgt ttgcctgtgt ggatggcatg gggagatttg atttgtggaa tctcaataat1740  
 gacacagagg taccaactgc cagcatttct gtggagggtg atcctgctct taatcgtgtg1800  
 agatggaccc attctggaag gggaggtggt tgtggcggga ttctgaagga caagttttgt1860  
 tattttgcga tgttgggagg agcagtttgt tggcccccc aatgatggat tggcgacggt1920  
 tggcccgacc c 1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 294 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

agttaccatt gccttttctg tctcgtgccg gttttgggtt gctgaaacta gtccaaaaca 60
ggaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120
atthagggaa agatagaact agaaaggctt ttcattataa ttccatgttg aacaattgag180
tcatagcttc ttatcttgga ggaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240
acgtggcatc cataatttac tatggagcaa gtgccacat ctctaggaca ttaa      294

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaagct ttatatattt gatagtgtat120
agaacatttc acaattacac tcatctttta cataacatct tgacatccat ttttaaat180
ttttgcacaa gtccttttc attcaatttg gtaaagccag ttatacatat taatgtgtac240
tgtgagcttt cagaagggtt atgattgagg atgccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300
aatagtcttg gatgggtggg ggaggatggc cagcgagact tgatgcagga gagggaaata360
ttctttcctg gggaaaagtg acttagccca atttttgttg actgtagctc aaccctacag420
tcatgctagt tcaaaaaaaaa aattacaaaa actaggaaga aagttttgtc tttttgattc480
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540
ttctttgtga ccacttatg ttgatccaca gagtgctttc ttataatgtg atacaattag600
gatcactgac tttttttcct aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660
accaggagaa aggcagtaag agtttgcttc aacgtatcag ctggaggaat gtggacttgg720
cactggcctt tcagcgttta ttgtctctcg tgaatatattc aagtctgata gccaaaggtcg780
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgatgtaga tgtactgcgg840
taaggtagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca      882

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

```
ctttttccta gtggtatgga aagcaaatat acaatgattt taagtaggct tctggaatag 60
aaacag:ggc ttgaagacc cactgccacc ttgatggact ggccttttg agtctgaatc120
cccggcggt gtgacttgg acccaaccgg tagctgggcc aactccagtg aattcacc 179
```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

gggaagcatt ttggatatga tgcaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tcccaagagg 60  
 tcctgtattt ttaagaaatg gaatttatatt aaataatatt taaagcttgt gcccatgttg120  
 ggcgggcaac ttttttcaat ggtgcttatt aggagaagtt ttttcatctt gtcatttaag180  
 5 gaaataaaaag tggaaattga atatgggtgg catgttgtac ccgttttagtc tcttatgt 238

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 934 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctcgcgcggg acacagggag cagcggagcac gcgtttcccg caacccgata ccatcggaca 60  
 ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagtgtgca catagtgtatt tagatgaaag120  
 40 agctattgaa gcttttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180  
 taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcattgaa240  
 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga300  
 tgaggcaaaa attaaggcac tcttgaaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360  
 acagaggaaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt420  
 45 tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttggtcc480  
 attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg540  
 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600  
 taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactctcagt660  
 tgccaacaat aggcctttttg tgggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720  
 50 tgaagaattt agcaaagtaa cagaggggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga780  
 tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840  
 ccaggcaagg cgtagggttaa ttgagtggta aagtcaaggc ctggggggaa tgttggaact900  
 gtttgaattg ggggtgttcc gcttaggaag gttc 934

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
ctcgtgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggtga gaaagattag caagtatgac 60
gtatgcaagg aatagaagtt atgtaccqaq tggttaaagg ttgggggggat atggagatgg120
atgagaggga gctgtctggg aaggctttgc ttcacttgga ttagagtagg gttgcgtgag180
gaaatagggt tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
aggaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggaatc ccaaaccctt gaacatttgg 60
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagcctac tggccttcca ccagagacaa120
cccatttatg atttgcctgt tcctgtaaga gtgcggatcc ctttcctatc aactgcctga180
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240
ttaaattgga agcattctta attatgcac taaattttaa agaagataat ttcaaaacag300
```

60

65

```

tgctttcttt cccttggttt catcattttc atattcttaa ccaattacc tgggtatctg360
acaacagcat catctacctc agtcattagg atttcttaast aaaaagaga ttgtattttt420
gacttggtta ttaagattat taaaattagc ccttcctttg aaatatgaca tcagctttgc480
5  tgttctaaat ttaaaattag ttgcttcac agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540
cagtctcctc agttttccca ttagaatgga cacgttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600
tgcttcacgc agagagtttg gtcacatgat taaagagaaa atacagtgcg gtcacaatgt660
ctccagagc 669

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 240 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

40

```

cgatcacgtt ttcacatgat gtcacgctc agggcgcttc aattatccct cccacaaaag 60
atagtgggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctctccta cagaaaagaa aaagaaaaaa120
atgtcattag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttgtgttt cctggagtgg180
45  ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtcctgcctc ccgacactct240

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 228 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

10

```

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc ttagaaagcc120
cagctataca actctaccca gaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag180
atggaagagc agaaaaacag ctatgggcag aaggccaagg ggtgatag          228

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1229 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

aaaaaaaaa aaaaaagagt taatctagga gataatgaat ggcctagtag tagataatat 60
atggcccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgctta atggagaaca gagaagatct tgttgcaaaa ggtgtattaa 180
atatattgtgc tgtttctgta tgagattgag aagcttttcc cacctctcac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaaactgtt ctgtgggttt gggaatggtc atttcccggg 300
aaaatgcatc tggatcgatg actaaacctg gcccttttct ctgggctgta gtgaagccgc 360
attttcacgc tggctggcag tgtgctgaga gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgccctt 420
ctgccctgcc tgacgatgta tcgaaaagat gagagtgaag gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggtaggt gaggtgttgg gcagttgtgg gaacttctga gagtattaca gagtggtaga 540
atcggtaaga actctgattt ggacttcgct ttggtggaac tgtgtgccta tacctgcctg 600
tgtgtgtgca agtgtgcagg ttcccttgta tgtatgtgta cgtgtgggaa cctgtgtttg 660
tcataattttt cttcatttca caaaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tgaaattcct ttaacaccag attagtgtgt taccctaaat gaacggttct 780
agccctctat taagaaataa agggaccata agcatttttg ctgcttatgg ctgtgtgtta 840
ctacttacaa gagtcttgaa aattatacag aactttgcct tcttttttta atgtcttcca 900
caatgttgtg actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcagggatc 960

```

50

55

60

65

tgtgttgact ctggcattta gtggccttgt gaaggaaaga aaccattaaa tgacctgaca1020  
 aaaactgact catgtcttta aagtagttga agccactttt aggaatgta ctctcgytty1080  
 cttttgtcta attctaattg gctttaaagcc aagaaaacca tagtataaat cttttttgtg1140  
 5 taccctatgg ctagtgtttt aaatgggcag ttccgtttgt gataaagtat ccagtcactt1200  
 caggtttccg tggaaggttt ttattgggg 1229

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60  
 cctgaaattc agagtgttaa cttttagagc cctgcacaat ctcttggtgc tatctagcca120  
 ttaccccat ttttttttta aaggccatct gaaattccat ttgtcatggt gggaagcatt180  
 ttggatatga tgcaggaaat ctcttccttg agtcaaaagt tcccaagagg tcctgtattt240  
 ttaagaaatg gaatttatlt aaataatatt taagcttggt cccatgttgg ccgggcaact300  
 45 tttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcattttaag aaaataaaac360  
 tggaaattga atatgggtgg catgattgta ccttttagt tctcttattt ttctactcct420  
 ctgtccctct ataactatgc catactatta gatgctggtc cactgaatgc tgagatgata480  
 tgttttttgg ggtttttttt ttttaagaaa tattttcact ggttttctgt gactctctaa540  
 acacttcacg gaaactagga agactgaatt atgagggaaa ctatttgga ttagtgcca600  
 50 gaaacgatga aatcttatag atcttttgac agtttctctg ttttagggga gcctaggact660  
 gatataccaag tttcttccat atccaagctt cattggggga ccccatattg gctttaacag720  
 gtgacccggc cctctttacc gggcttccag 750

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
gagggccggga gtggaacccc ctcttttgag aagggtgcct gactcagaga cacagaaacg 60
gggtccagggg tggggagaga tgtggagtga ggaaggttt gcatttgaga aaggaagttc120
gagaacacac tgggacattg taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180
tcctaataat gggaggtcag ggccagggtcc tcgggcatag qqaqagggc c 231
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
gggtatttggg attctaattg ttaacccag aagaaggtta tttagcttgt atttatataa 120
aaccatttta gccttttact tataatctgtt agaattccag tgatcatcct aataaggat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttgcta agtccctaag 360
agattacatg ctagggcttg agtcatttct attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
```

# DE 198 18 620 A 1

```

cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccaacaacctt ggtaattcc cctctctctt taagctcag 540
gaagcgaaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
5 aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccaccaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
10 ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgaggta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt gggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaaccatcc1140
tgggcaacag agggagaccg tgtctctacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
15 aaacaattag ctggacctgg tggtcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca 1340

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 226 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

```

gccagatttc cgggggttttg cgggccccgc gatgttttcc agagggttttc aagtgggaag 60
aggagagcga caaggtgaaa atgccccgtg cggggcgctc cagcggagtc ctgccagctg120
tccggcggtg ggggtggacgt ctgatttatg aagggtccca tccacctatc tgagtacctg180
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 611 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```
gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccgccgagg 60
ccgcaacccc ggctcggcct cccagggccc cgccgctgcc gcagtcattg ctgctgatgg120
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcagc atccactcc ggaaatgtca ctcccaccgc180
cccaccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagtcc cacctccata tacagccatt240
gccagtccag acgccagtgg tattccagta ataaactgcc gtgtgtgcca atcactaatc300
aatttggatg gcaagcttca ccagcatgtg gttaagtga cagtttgcaa tgaagctacg360
ccaatcaaaa acccccacac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttctc420
atgtgtaagg acacatctcg gcgaatagga tgcccaagac ccaactgtag acggataatt480
aaccttggcc cagtaatgct tatttctgaa ggaacaacca gctcagcctg cattgccc540
tccaaccag aagggtacaa gggctgtgtg ttggggcacg gttggggaac acattccctt600
tgggatggga c                                     611
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```
gccgaccgga cgcagggggc tggcgggaac gtgaagctcc gcggtgcctg atggggccgt 60
```

```

tgggcggccg gtagctgttg ctgttggggg acccctcat tccgcccgt jccgtccctg120
ctgcctcatg gcggccatcg gagttcacct gggctgcac ccagcctgtg tggcgtctat180
taaggatggc cgggctgggtg tggttgcaaa tgatgccggt gaccgagtta ctccagctgt240
5 tgttgcttac tcagaaaatg aagagattgt tggattggca gcaaaacaaa gtagaataag300
aaatatttca aatacagtaa tgaaagtaaa gcagatcctg ggcagaagct ccagtgatcc360
acaagctcag aaatacatcg cggaaagtaa atgttttagtc attgaaaaaa atgggaaatt420
acgatatgaa atagatactg gagaagaaac aaaatttgtt aaccagaag atgttgccag480
actgatattt agtaaaatga aagaaacggc acattctgta ttgggctcag atgcaaatga540
10 tgtagttatt actgtccgtt ttgattttgg agaaaagcaa aaaaatgctc ttggagaagc600
agctagagct gctggattta atgttttgcg attaattcac gaaccgtctg cagctcttct660
tgcttatgga gttggacaag actccccta 689

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacia aagcggatgt tgaaaaggcc cgacaacaag 60
ctcaaatacg tcaccaaagt gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120
aattcaacca tgagcagcat gaatattacc atactcacat cccaacatc ttccagaaa180
tacaagagag cggaggaaag gaggattgtg agaatgggag agtccatgaa gacatatgca240
50 gaggttgatc ggcagggtgat cccaatcatt gggaaagtgcc tggatggaat agtaaaagca300
gccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtta tagaagctta taaatcaggg360
tttgagctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420
tcagataaca gcctttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtggc480
55 aaatccaaag gaaagttatg gccgttcac aaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540
gggggcccac tcagcttcag 560

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctgggtctg gagagcgggg ccgagcctgg 60
agatggggac agtgatacca ccagcaaaag aggtagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120
cacttgaagc tggaggagaa actaaagcct tattgagaaa acatgttata gatccttttg180
ttgctgagag agtqqaacat aggtcctaga cagggtgaag agttctggca catttttagct240
gctactttga gacctcgggt atgttacctg gtgtgggtcat cccatcttgt cctgttttaa300
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagaggca gagtttatcc caatgacttc tctgtttgag360
ttgggaagcc tcaccttcag acccagtaac tgtccgcagc tgtctgctag tggttgtctt420
aacatcgtag tcctagtttg cattttttta atccccctctg tttaaaaggt ttgtaaaaca480
aaaacaaaaa actaagtctg ctcaagtgaat tgctgtagaa ccctaaataa gtggtagaag540
agtgtcactg aattttgtct ctgaattcag tataactgag ttttgtccat gctgggtgtct600
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgt tctggcctag aggtcagtc660
tttgacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcaacctaa tccatctgac tacttgttcc720
tgtgccctct tgttttaggc ctggtttact tttaaaaaat gaaattgttc attgctggga780
gaagaatgtt gtaattttta cttattaaag tcaacttggt aagtttttaa aaaaaaaaaa840
aaaaaaaaa a                                     851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1354 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

```

5      cttaccaaca gcctttctgc taagttctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60
      attttttccct gatttagcag gagccccctt ctatttccagt ttcattttca gcatagtagc 120
10     ctttctatac tttttctata agacttgggc aactgatcca ggcttcacta aggttcttga 180
      agaagaaaag aaagtgaata tcatcaccct tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240
      attttgtaca tcatgtctta taagggaagcc attaaggtca ctccactgcc atgtatgcaa 300
      ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacggtgca taggttttgg 360
15     caaccatcac tattacatat tcttcttggt tttcccttcc atggtagtg gctggattat 420
      atatggatct ttcattctatt tgtccagtca ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480
      atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttgg gttttatata tcttgatgct 540
      agcaactttc catttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600
      ctttctgggc ctgacctccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660
20     acagacgttg tccctcagga agacaccata caatcttggg ttcattgcaga acctggcaga 720
      tttctttcag tgtggctgct ttggcttggg gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780
      gtacaccatg gtctttcacc cagccaggga gaagggtcct cgctcagat gaagaaaagc 840
      aacccaaaac tctcaatctg atttgttttt gtttatgtcg atgccctgta gtttgaaagt 900
      gaagtaaaaga tttagaattc acctaaagtc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960
25     aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatta caatttttta ggtttagaaa gatggacttt1020
      tctgataaat cttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaatgcaag1080
      ttactttttt tggaaataat actcactgat tatggataaa atggaatatt ttcagatact1140
      atattggctg tttcaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg1200
      tccttggtgt atctataaat atgtaaaaaa tatttaaaata gatgtacctg ttttgctttc1260
30     acacttaata aaaaattttt ttttgtaaaa ggaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag1320
      aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

65     cgtgatctct cctcagtaaa accaagggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60
      attaggagta gaggggttga aataacttaaa attttttcc tttctgatat aattattgat120
      ctccttctag aagtcctgtc gtctttgctg gagaattttt atttaagcat ccttttgtag180
      aagaatctct aatgtccttt tttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt240
      ctacacagtt cctttattca gttttccc 268

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 752 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

tgacaaaaga aatggaataa tttcaaaaaa gttaagtcct gagaagacaa ccctgaaatc 60
tattttgaaa agaaaaggca ccagtgatat cagtgatgaa tctgatgaca ttgaaatttc120
ttccaagtca agagtaagaa agagagctag ttcattgagg tttaagagaa taaaagaaac180
caaaaaagaa cttcacaatt ctcccaaaac aatgaacaaa acaaaccaag tgtatgcagc240
aaatgaggat cataactctc agttttattga tgattattca tcctcagatg agagttttatc300
cgtcagccac ttcagtttct ctaaacagag ccacagacca agaactataa gagacagaac360
tagtttttct tcaaaattgc ctagccataa taagaaaaat agcactttta ttccaagaaa420
accaatgaaa tgttcaaagt aggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480
ataaattttt agatggcggt caggaagtgg cttatatattca ctcaaaccag aatgtaattg540
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatgggcagc acatgacgta tttgagttga600
agcagttttc acagctgaca gctaacatag ctgtttgcag ttctaagaca tataaagaaa660
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720
tttcacttcc tctttacatt tcaaactctg ta                                     752

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggtgatt gcagaatgga aacttggtt ttgcggcact gggtagattt 60
tagtttgtgt gtgtcttctgt ggggggtggt gatgattgtc tcagcaactca cgcaactgcac 120
aagaatggcag caggatacacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttctctctca 180
gcctccctcc ttgcaccccc acaggttttg cttgtggtt ttgtcatcag taacctactg 240
cctgagatca tgatctctta aaagatgaga ctctcggaag ggttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcacctctctg gaacaaagtc acttgaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttaqtqttac taagaaaatc tgctttgggc cgcagcagtg ctgggtgttc tcagacctga 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgcctctgt ggctggtgct tcaggaggaa tccagagaag 480
tgttcagatg cccctcttg gctccttct aattttaatc agctctttaa atagctgcc 540
atctctgtg attgcacaac caagcacttt gacatttgca ccttaggaga ggcagatgtt 600
aaaatggaat ccaaaagacca cctagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggccaactgc 660
gagctgctcc acttctcagc tctccctgc cctgcagccc tgggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgaca tccctcctg gttctcacca ggaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gccctgcccc tggctcctta aatgccccgt ctctttgtta actgatattc 840
agccagcaat gcttaagact ttgttaagat catttctact gcttttcttt ctgcttcaaa 900
cacacagttc gtctctgagg aaagtaaaat aaatggaata agagtaaat gggtaaggag 960
atatccaaag ctaccagtc ccttgaccca gcacagttgg ccgaccctg tcaactcctg 1020
gctgtcctg cttctctgtg ctcaactgaag ggtgagccag gccagtgtt cccagcccc 1080
tgggcctggt cactacacag tggaaaacag acaagcggcc ccttcccaa atcccaagag 1140
tgtcttgctg cttggtgggt gctcatcgca atgttctgaa ggctccaggg ccactttgtt 1200
tgtaagtatg atctgggct caaaatacca tagtagctgc ttgataaaat tctaaaaata 1260
tcgggtcttc tatgatgtaa acactattac agtcaccagt gtgtgaagac tcttgagtct 1320
ggctctcata tcagagtcac catttttctt cctgtggaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
caaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

cgatctgtc cggacggaag caggaagcgg gagcgtagg gccacgcctg cggcgctgct 60
gggtgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagtt tgaccaccta120
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgacl80
ttccagccca gcagccaggc cgggctcaac caaaagctga attttattgt taçtggtta240
caggatattg acaagtgacg acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt300
gaatatatag atcaaggtcg aaatccccag ctctacacca aagagtgcct ggagagggtc360
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg420
ctgattcaag aacttttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg480
ggggaggatc acccgccttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctgggac540
cgcgatgcgg cgtgaggctg ggactgcgag tgcgtacgcc accttccctg tgagggtgga600
ctgggcccctg gacacacccc tcagcccctc tgtcctcatt gtttggcctc atgggaccga660
ggggctggag gagaggcgga gtgtgcccga gggttcaaga ggttgtttgg ggtgaaatgg720
gtttgt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 681 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

ggctgagaaa aatgggggga gacataaac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattgga120
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgagg agttcaggta180
ggctgggccc gtgcctctag gtagggacaa gggaggctgg gtagccagg ctggtgctta240
aaacccctga ggccatgagc tcattggctg cctttgtagc atcctgtctt cttctgtgct300
gcctggtttg atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcattg gtcttgggcc360
tgacaccac caaggatgac ctgtggactg ccacgggatg ctgaacagg agatgaaagg420
aggctcctct accatacccc tctgccaacc cccagtagg ccactgttct gactttgttt480
ccagaatata cagaaatcca aaggggctgt tctgaacag tctgcaggac cagtgcagac540
acctacctgt tgtcccaagg catacaagg agccccaac gctcatgctt ctctaataca600
gccctaccaa gacagacaga aaagggaagg gtgagggaga aggttgagc tjtggagtta660
gactctgctt cattcctgaa g

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1116 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

gggccacact gagcagattc ttggttagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60
cttttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtctttttg ctcaattgaa gggaatgga 120
atggtgtgat gtatgcaaaa tatgcaacag gggaaaatac agtcttttga gataccaaga 180
agttgcctat aatcaagaag aaagtgagga agttggaaga tcagaacgag tatgaatccc 240
gcagcctttg gaaggatgtc actttcaact taaaaatcag agacattgat gcagcaactg 300
aagcaaagca caggcttgaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaagg aaggagaagg 360
aaattcagtg ggagacaagg ttatttcatg aagatggaga atgctgggtt tatgatgaac 420
cattactgaa acgtcttggg gctgccaagc attaggttgg aagatgcaaa gtttatacct 480
gatgatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcctttggg agaaacctgt 540
tcattccaat cttctaatta cagtggttcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600
gatgaacaat taaggggaaa agcttccctt ttcctctgtt ggcagttacg attttgactt 660
cagtcctgag aaaaacttca ggttttgaaa atcagatgat gtcttctcct tttccaaaca 720
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgctgtt 780
aagatacaca acttgtttct tagttcatat aatctcgggg acacacatac gtatacacac 840
acatacatat atataaatat acctgatgcc agattttttt cataaatatt ctgcctactg 900
taaatatggg ttctctgag ttgttttaga aaattagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960
taggaaattt catggtctta cctacaataa cttttatatt ggaattgaac tattattaaa 1020
ttgtatctaa tcctggaata cagtttaatt aattattctt agtgcttaag gcttcataaa 1080
gtaatttttc caaccttttt tttaaaaaaa aaaaaa 1116

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```
aacagttggg aggttcttag ctctttttag ggtcttaaca aagggttttg ttttagtttt 60
agaccgaggt ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggta agggtttgca120
ggccagacca tctctggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccatal80
ggccaatatg taaacaaatg aqcaagggtg tgtgccggtg aaactt 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 806 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```
tccaagggtc ctttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggcttg 60
ggacctcctg gggttcttac ctccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctta120
ggaatttgtc tgtgggagtt tattcatctg tctctcctat ttacctctcc caaaccagga180
tttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240
```

# DE 198 18 620 A 1

tcacatctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300  
aatgatttga caaaggaaat gtatgaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360  
gacttttccc aggaacacaga cttttcagaa gcctctcttc tagagaaaca acaggaagtc420  
5 cactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggaac agtgaaagat480  
gagacaagcc ccgtggagga gtgttttttt agtcaaagtt caaactcata tcagtgtcat540  
accatcactg gagagcagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaatccat cagctttgat600  
acaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgaggaaa gacctttcaa atgtgaagaa660  
ttagtagagc cctttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720  
10 ggaaaagcct tatcagtgtt cggagtgtgg caaagctttc agcattaatg agaaattaat780  
ttggcatcag agacttcaca gtgggg 806

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

ggtggaattt ttttgggccc agtatattggg ggtgatagg ggtagagggt tgtaaataact 60  
taaaattttt ttcttttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgctgtcttt120  
gctggagaat ttttatattaa gcacccgttt gtagaagaat ctctaagtgc cgtttttcat180  
ccagatctac aattgatgaa tcctaaagggt atttctacaa agttccgtta ttcagttttc240  
c 241

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 266 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```
gcggatccgg cggtctgcac tgatcttttc caaggggtgta cagagatggc ggccgggtttt 60
cggaaggcgg gtaagtcccc gcagcgggaa cacagagagc gaagccagt actaccgtaa120
aaaacaaggt acctcaaagg tggtcgggaa aggggtgttg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtgggggtaca aattat 226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 151 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
gggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgggtggt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtgtggag gtacagaggt agaccagcac tgggtccctc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcagggt ttgccgtgct t 151
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

gcagccgctcg ccttcggagc gaaggggtacc agcccgccag aagctcggag ctctcgggggt 60
atcgaggagg caggcccgcg ggcgcacggg cgagcgggcc gggagccgga gcggcgagg 120
agccggcagc agcgcgcgcg cgggctccag gcgaggcggg cgacgctcct gaaaacttgc 180
gcgcgcgctc gcgccactgc gcccgagcgc atgaagatgg tcgcgccctg gacgcggttc 240
tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat gtccgcaccg gcaccatcct gctcggcgctc 300
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg 360
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420
aacatgtgca ttgccattgc gatttctctt ctcattgatcc tgatatgtgc tatggctact 480
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatcccatc cttctgttac cagatctttg 540
actttgccct gaacatgttg gttgcaatca ctgtgcttat ttatccaaac tccattcagg 600
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatg tcagtgaatc 660
ctacctgttt ggtccttatt attcttctgt ttattagcat tatcttgact ttttaagggtt 720
acttgattag ctgtgtttgg aactgctacc gatacatcaa tggtaggaac tcctctgatg 780
tcctgggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtgctgct acccccgatg gatgatgcca 840
ctgtgaatgg tgctgccaa gaggcacgcg caccctacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900
ggcgaggagtg agggcagcag cttgactttg cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960
acttttgcca tgagcctctc tgagcttgtt tgttgctgaa atgctacttt ttaaaattta1020
gatgttagat tgaaaactgt agttttcaac atatgctttg ctagaacact gtgatagatt1080
aactgtagaa ttcttctctgt acgattgggg atataacggg cttcactaac cttccctagg1140
cattgaaact tcccccaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctggggccc1200
caaaagtggg catttttctc tctgttccct ctcttttgaa aatgtaaaat aaaacaaaaa1260
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aaaccttatg gaaacaggaa1320
tgtcaattgt gtaatcattg ttctaattag gtaaatagaa gtccttatgt atgtgttaca1380
agaatttccc ccacaacatc ctttatgact gaagttcaat gacagtttgt gtttgggtgg1440
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccattagaaa gcaccaggcc gtgggagcag1500
tgaccatctg ctgactgttc ttgtggatct tgtgtccagg gacatggggg gacatgcctc1560
gtatgtgtta gaggggtgaa tggatgtgtt tggcgctgca tgggatctgg tgccccctct1620
ctcctggatt cacatcccca cccaggggcc gcttttacta agtgttctgc cctagattgg1680
ttcaaggagg tcatccaact gactttatca agtgaattg ggatatattt gatatacttc1740
tgcttaacaa catggaaaag gggtttcttt tccctgcaag ctacatccta ctgctttgaa1800
cttccaagta tgtctagtca ctttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaa tgaggattgc1860
cttccttgta tgcgcttttt accttgacta cctgaattgc aagggttttt tatatattca1920
tatgttataa agtcagcaac tctcctgttg gttcattatt gaatgtgctg taaattaagt1980
cgtttgcaat taaaacaagg tttgccaca tccaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaatggtgg2040
cg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 147 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	15
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	20
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70	
ggaaagggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtcccctgc tctgcaacac 60 acaggtagtc ccagtgctag cattggtcta ggtaaggggc aactgtgcct ttgtgcagt120 gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:	35
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 143 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	40
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	45
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	55
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71	
ggaaagggga tccaggggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtcccctgc tgttcaacaa 60 aaaggtagtc ccagtgctag cattggtcta ggtaaggggc aactgtgcct ttgtgcaatt120 gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143	65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

agcagagtta gccagaaatg cctcctgctg cccagcctt agagagctcc catctcaatc 60
attgagcctg aaggcttcaa gcccaagaat gcaacaagac cccagccta catttctcag 120
ctcccctgga gccagctgat cctgtaacgc tgctggaggt cagtctgagc taccaagact 180
gtccctagac aaaggtggag tccccacac tgccaagac caaatccctc actcaacctg 240
ctgaggtgtg gatggggaaa cagaggcaaa actgaggcac ctgatgcatt cagcctgctg 300
tgcagcagtg ccattgactg ccctgatgtt cagagagaaa cgcacacaag gtttgcccat 360
gagaattggg gagcagatgg ccaagcagat aggttatgtc tgttttctga gtgatgaagt 420
caggaagccc tgtggtctcg gaggccactt gtggttcatt cttttcccat atccttggtc 480
tttagaaatg gttaccttca ggacagtga gctgcattta tcagagcact attgctaagt 540
tttcttttct ggcttgtgtt tttctgggac agtttagaat tgggaggcct attctcatag 600
aacacaaaaa atgatgttca gtgattcatt taacatacac caatgtactc tggctgctgg 660
ggggacaacc ataagcaaga catgcccagg gtttgccgtg gctccagatc tactccctgt 720
aggagttcaa ggatcacaca aacggtagta accagggttg tgaatctgag tacaccctgg 780
caaggcttct cttcagactg aagcagcaat tctgccacta ccagcagcaa ccaggacgtc 840
tgttctttgt gggggccaga tcagaagaga gagggccctg tgacgcccgg gctgcttggg 900
cacaactctg tccaattcaa ggatgtttat cggcctctct tagatcctga gtgagacaaa 960
tacagaaatg acccattccc tgcccaccag aaactcagag gtgattgggg agactgacac 1020
aggaaaatga acttaataca gagagactgt gatatgtgct aagaaggggtg tgaggggagg 1080
agagatgaat tttccctgga gggatcctag aaagcattgt catattgcca tctccattag 1140
ctcactttta aacaactagg gtgctggaag aacctttgtc tgagggtagt tcatagctgg 1200
aaatacttgg aatattttcc agagtctcta aactctcatc ttccccaca gatacacatc 1260
caagctcaca aataggagta gcaattctag gtggtagggt tgtgtacgga acccctggct 1320
gtctgcatat atctcagaat taccacagga ccattgtccc aaagtctaga gtctttacag 1380
gtaggcaaaa tttgttttca atgcctgtgc ctcagctgct gtcacaaata cccatcttag 1440
gatcccatca gcttcccatc ccccaccaga cagccacagt accctcactt tctccctatt 1500
gttcttttcaa atcctgttct caggaaagaa actgccacta attcattcac actaagggtg 1560
aaatgattga taataggaat gagttacctc ttcccacaga catttgtttt taagtatgac 1620
agagcagggc cttaatccca agggaaaagg ttatggaact ggaggggggt agctttctgg 1680
gtagaaggag acttccgtgaa tttccttaaa acccagtaag agtaagacct gttgttttgg 1740
aaggctctgt ccaccatcta agagcactgt tttttttttt gttgtgtgtg ttgttacggt 1800
ctctgaggga atatagtaaa aatgcataat cacgtgcaat ttgcacggca gcatttcacc 1860

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gattgtggac tgtattggct aatgtgtttc ctggctctta gatgcaacc attaataca1920
ctatcttata tcatagtttt ttcaggggtg cttcttgatt agtagggat tttgaacac1980
tctttaaata cagctagaaa ataaaaccaa tttgtaaagc cacatttgca tatgatgcca2040
gcctcacgca tttgtatata tccagaaatt caggatagcc tcaccaattt gcccgctctt2100
aataaaatct tgtgttaaaa ttgcatcac gtcgccttcc tatgtatgac gaaacaagaa2160
acagagattt ccaattgtct tttgtcttc agacatttag taatataaag tacctatctt2220
tatgttgaaa tgtttatata ggtttattaa tagcaagtgc aactaactgg cggcatgcct2280
tgcaacacat tttgatata tagccatgct tccgggtaaa ggcaagcccc aaactcctta2340
tcttttgtag tctctctggg atcagtataa gaaaaaaaaa ataattgtgt taagaagtgg2400
gactgtaaat atgtatattt aactttgtat agcccatgta cctaccttgt atagaaaaat2460
aattttaaaa atttgaatgg aagggggtaa aggaggtcat gaagtttttt tgcattttta2520
tttaaatgaa ggaattccaa ataactcacc tacagatttt tagcacaaaa atagccattg2580
taaagtgtta aaatttacga taagtattct attggggagg aaaggttaact ctgatctcag2640
ttacagtttt ttttctctt ttaatttcat tattttgggt ttttggtttt tgcagtccta2700
tttatctgca gtctgtattaa gtcttattgc tagaatagg tactacaaaa aaggttatat2760
tctgaaagaa aaataactga cattatatat aaccaattaa tttaaagtat tgccatttaa2820
attcacact gagagcatgt cctatgcaga catagatttt tctgttcatt tatttttctt2880
cattgcagtg gattgatttg ataaatagat gtgttgaatt actacatttg ctgtacatat2940
tatttaataa actttattca gaattgcgtg gcaaaaaaaaa 2980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 227 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

cagcattgct ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccatttttgc 60
ggatcatattc tgatcctagg aaatgtcctt tcccatagat tgtcctatgc ctttgggggt120
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcatttggtt gagagtcaag agagcattgg180
ttttggagct ttaatccctt tctggttgaa ataagggtgt caacttg 227

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

```
ctcgtgccgg tttgggtttg gtgaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60
agccaaagag tgtcatgtga gttacaggaa gtagagccca tttagggaaa ggtagaacta120
gagagggttt tcaggatagt tccatgttga gcagttgagt ctagcttct gatcttgag180
gaaggacaca cttcaaagg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240
atgggg                                     246
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 773 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```
cggaagtgt aaggttcctg cctctcctcg gccaggcgga acctctctgc tgggcccggt 60
ggccgcaaaa gaactttctt tctccgcgcc gaacggtcgc cgcggccaac tgcctcgccc120
gcctggcagc ctaacctcc ttctcttctt ctctctcctg gcttcgcgcg gcctgcctc180
```

# DE 198 18 620 A 1

```
cctctcgccc ggccgcatcc gcttgctget gccaccgct cctcatcttc tgcccggcca210
accggcctgc cccgctgcag tgatgtgcga caaggagttc atgtgggccc tgaaaaacgg300
agacttgat gaggtgaaag actatgtggc caaggagaaa gatgtcaacc ggacactaga360
aggtggaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa tcctggaatt420
tctgctgctg aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctctcttct480
gtctgctgtc tatgagggtc atgtttcctg tgtgaaattg cttctgtcaa aggggtgctga540
taagactgtg aaaggccag atggactgac cgcctttgaa gccactgaca accaggcaat600
caaagctctt ctccagtgat ggatggatgg actgataact ccggaagaat gactctcctg660
tggcctcaca ctgctgctg tctgtctgtc actctctatc tgccagcttc ttcagctaaa720
tactttaaga ggggtgagg gagagagaaa ttcataacaa atccgactac cag 773
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 293 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```
gcaacgggca gctgggtcag ccattcttct gttagcagat ctttgacttt gccctgaaca 60
atgttggttg caatcactgl gcttatttat ccaaacttca ttcaggaata catacggcaal20
actgctctta attttccta cagagatgat gtcatgtcag tgaatctacc tgtttgggcc180
ttattarrcc tctgtttatt agcattaatc ttgactttta agggttaatt gatagctgtg240
tttgactcc taaccgtaca atcaatggta gggactctc tgatgtccgg ggt 293
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

```

gacccggcgt ggctactagg agaaggacgt acggtcctgc tagtagagga atatgtcgag 60
tttctctagg gcgccccagc aatggggcac ttttgctaga atatggtatc tcttagatgg120
gaaaatgcag ccacctggca aacttgctgc tatggcatct ataagacttc agggattaca180
taaacctgtg taccatgcac tgagtgcact tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240
acacattgca ttttctggaa acaaatggga acaaaaagta tactcttcgc atactggcta300
cccagggtgga tttagacaag taacagctgc tcagcttcac ctgagggatc cagtggcaat360
tgtaaaacta gctatttatg gcattgctgc aaaaaacctt cacagaagaa caatgatgga420
aagggttgcct ctttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagtaga480
ggagcttcct caaccacgaa aaatacctaa acgtctagat gagtacacac aagaagaaat540
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600
ttgcagaaaa taacagtga gtagattgaa ctttctctg atgagtttct ctaacctaca660
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag cacctgtttt atgtgccgaa tcactgtggg720
gaaaggtcag gaagggtgtag tccttcaata ggaaattgta attaaaatat aattttatag780
aaccattttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg 870

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 237 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78



# DE 198 18 620 A 1

ttgtgatcgg ctatccttcc cggatcaaca gcgagcccag cccggtcacc tacaaccgyc 60  
ccgggaacaa cgtgaaactg aactgcatgg ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt120  
gggagttaac ggataagtcg catctgaagg caggggttca ggctcgtctg tatggaaaca180  
gatttcttca accccaggga tcaatgaccc attcagcatg ccacaaagag ggggtggc 237

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 439 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagagga tcatctacct 60  
cagtcattag gatcttctaa taaaaaagag attgtatctt tgagttgggt attaaagatta120  
ttaaaattag cccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaaa tttaaaatta180  
gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtccttct cagttttccc240  
cttaggatgg gacaagtctg ttcagggggg cattctgtaa gggttcagcag ggggtttggg300  
agaggattta aggggaaata cagtgggggc agaattgggt cgggggtaaa ggtagggggac360  
aaggagggga gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc cttacctaga tcgggggatg420  
ccgggggggc aaggcaagg 439

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

15 gcaaaagtct tcaaactatt gagaaagagc catagactga gtgcaggcac cagtgcgctc 60
   ttattactgt gtcaattaaa tgaatgtatt tgaatgtttg gatacttacc tctgaatgta 120
   ttttgagtaa taacttcaag tgcaattat gccatgcata atttcttttg tctcatgttt 180
   ttccccctt ttcttttagg ctttgtcttc tgagtctata gaaaaacttc cagtttttaa 240
   caagtcagcc ttcaaacatt atcagatgag ctctgaggct gatgactggg gtatcccaag 300
   cagggaaacca aagaacctgg caaaagaagt ggccatgtga agagggacac tcaggacact 360
20 ttacgggatc aaagtgggtc tacaccagtg ctgcttcttg aatgtttgtg tgtgaaccct 420
   tgtttcctcc aaaacaaacg acagcaacga aaactcctta atcagaacac tgatccaatg 480
   aggaatggag cttgtttctg tgaccaggga gaacttagtg caagactaca ggagttaaca 540
   gatggccagc tccttatttt ttaatgtaga ataactcttg agtttatatc aaatcctgaa 600
   gaaataagcc ttcagttttc atctgttttt gataagaata agaaagggag tgagtgtgaa 660
25 gatggtgggt agcagtttca ctaagactga tatttttaggc ctcttgttca catcaaaaaga 720
   latgtgtgtc agaataccag cattttcctg ccatgcaaag gattaaaact tagtttacac 780
   tatgtggtta caaatatatt tcaatgtaca ttttgaacat atttatgtgc tatggaagga 840
   aatgctgggt actaaaataa ggtttactct gaaagaggag gaattttatt caaagcattc 900
   aaacatttta tcaagtgtt tcaaaattca aagcattgta ttcaaagttg cagtgaaggc 960
30 atcaacttat gtaaaaacac agaaggaagg ctctctgat aaaaacacag ctcttttatt 1020
   atgctgcttt tctgtttcac ttacacact aagtaaacac ttattgtcag gtgcctagtc 1080
   ttgagtgaat tgttagatgt gcactgaact cgggatgttg gggattggag agagagaatt 1140
   gccaaagtaa cagcaaaaat atctcttact ttgctttgtt tataaataaa ttagtagatt 1200
   ggaaaaacta gtgttaggga aagaaatcac atgttcagag cctaattcag taggaagggc 1260
35 ttttctctac cctgaattga aggtaatcca aaggcatcca ttttctaggc ttaaaagata 1320
   tatttttgat atatttaatt atattctcta cactccagca ttaatatgtc tgtttaaaaa 1380
   ttactaattc tcaaatggct caagaacatt agaatttaag taccttttag agtaattatt 1440
   ttaaqcaaat aqcttgagc taagagattc tcatgccagc atgctttcat ttgtcagttg 1500
   ttgtgactga gagataatga atgacacctg aaatgcatat ggtatttttg ggagagttaa 1560
40 ggtataattt gaaggttggc agaccagttg ggctgattac tcttagagaa gaagaaatgg 1620
   aaaaatgaaa qaaggcagga aggaaagaaa ggaatatagga agagagggaa gcagaaggca 1680
   ggcatttttc tattttcccc acaaattatt tcaaaaaaaa tctgtatttt ctgggatatt 1740
   tcatggcaa gaggaagaac tgggtgtttg aaagcagtat ggattcttta aatgcctctc 1800
   actctacaa gatagtaggc tttgagataa taaacttacc cgtgtcaatt aacatttaaa 1860
45 ctggcatata gaaaaaaagg aggatttttc tgcattgtaa aataatcagt atggtttata 1920
   tgttgaattt qacatttgtg tgtaatttca tgggtggccta gtgttgttgt gcttctggta 1980
   atggtaatat aagctcaact atttttttgt ggatttcagt ttttatcatc agaagtccta 2040
   gacagtgaac tttcttaatt gtgggagttc agctcatgca tttctgatta tacaaaacag 2100
   tttgcagtag gttatttgtc atttcagttt tttactgaaa tttgagctaa acatttttac 2160
50 atgtaaatac ttgtatttac caaagattta aatcagttga ttaatttaatt aactcaaata 2220
   ctgtgaacta tctttaaaac actagaaaaa agaaatgtta gtatctcaat tacaccaact 2280
   gtgcaaatga actttgataa aatagaaata atctacattg gcctttgtga aatctgggga 2340
   agagctttag gattctagta gatggatact gaatactcag gccacttaaa tttattaatg 2400
   tatacattgt gtttttgtct ttatgctatg tacagagaaa tgtgataatt ttttataata 2460
55 aatatttttt atgatgataa aag
                                     2483

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 18 620 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
aaaaaagtgg gaggcagttga ttggttgatg tgtttgaacc tattgagaag gactttctat 60
tctgctacgg acttttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120
aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180
aagttatagg gcactacatg ac                                202
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 353 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```
ggtggtgggg. ggggggggtgt tggggcaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60
cctcagtcac tagggtttct taataaaaaa gaggttgat ttttgacttg gttattaagg120
ttattaaaat tagcccttcc tttgaaatat gacatcagct ttgctgttct aaatttaaaa180
```

# DE 198 18 620 A 1

```

ttagttgctt catcagtagc acacttccag ttctctatacc aagccagtct cctcagtttt240
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgctatgct gtaatgcttc atgcagagag300
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

cggggataac caaacacagc tgtttacggt ttctccctta acccatgctt tcataaacc 60
cttcgggacag cttccccgtc caggctttct aaccacacct accccagggg tgccgcattc 120
ctgcactcag aagtctgcag cggctccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180
gggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatcctgca ttcttaacaa 240
gctcccaggt aaggcggagg ctgctgggtg gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300
gtgcccaggg ctgatataata ttggaaatat cacccttgaa gccatcgctg gccccacct 360
cctgctggact gatgccccag ggattcccac ccacttctg caaccacag tatccttcat 420
tatccacccc atcccagact cccaccccag ggattgcccg tgaagacttt ggccatgcaa 480
attgtgttgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540
ttcttaccag tgtgaccaca ctgttacgat gcaattctag ccaaaaaaaaa actttttcct 600
agtcttatgg aaagcaaata tacaatgatt ttcagtaggc ttctggaata gaaacagtgg 660
tttgaagacc cactgcccac ctttatggac tggccccttt gactctgaat ccccgccctc 720
tgtcacctga gacccaaccc ctactgggac caactccagt gaattcacc atttttcttc 780
ttcagaaggc ctttctctgt tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatcccat 840
ttaagaatt agagaataaa ccaggcctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgcctctggc 900
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcctttcaa 960
ctttcccaa actggccaca gataggctgg ccatgggaag ggtctttgga tttcggggga 1020
ggcaaacgtg ggggattgt 1039

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

```
gaacagttgg aagcttctta tctcttttta ggtctttaac aaagaatttt gttttatttt 60
tagaccgagg tctataactt gttctgtgac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccgata aaactattaa agggcactga240
aattttcagt tcatataatg ttttcagggg          270
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 330 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

```
agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcagtattatt gatggttatt cagccgcaga 60
tgagagttaa tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120
aaggggcaga actagttttt cttcaaaatt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180
tatttcaagg aaaccgatgg aatgttcaaa tgaggaagtt gttaatcaag ggcagtcgga240
tggatcaatg ggtaaatttt aggtggcgtc aaggaggggc ttatattcac tcaaaccgg300
atgttatttg gtcgggccaa ggttggaagg          330
```

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

atttaagtat_ttttttagttt ttaaaatgtc tttccggtga gggaaggagc cccagccaga 60
aagcaattca atcatggtca agtttccaac tgagtcattct tgtgagtggg taatcaggaa120
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tctgtgactg gatctttatc180
atccattcta aatccgattg aatattgctg gttacaaaa tgccaagggg gtgac      235

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

# DE 198 18 620 A 1

gggaggcttt gtgttgggga gtttgggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60  
ggtaatttag cttgtattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatatc tggtagaatt120  
ccagtgatca gcctaataag gtataattca gaataatttt ttttcccttc agaataactt180  
agaatcaga 189

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

caggaccagc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60  
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagctcc acttcagtct aagtagctgg gactacaggc120  
acgtgccaca agcccagcta atgtgggtgt tttgttagag atgaggtagg gccatattgc180  
ccaggctcgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240  
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccc gcctccttga agtttactaa caattgggat300  
aactgaggga agagaagtga caattccact cagtctatta gaggtctgga tataaggtag360  
ccacacaata actctaactt gacttctaac cattctatct tattgatttg gaggtgtct420  
tctgccagat tttttgtggc ttgagatgat attttcgaac ccttctttca ctacctttct480  
tacccttaat gtgccaagct tgaaacagga tttgatttcc tgagctactt gttcgccttc540  
tgtgcgtcac caagtaatct gggtcatctt tegtctcatt catgttattt tcaagtgaag600  
caagacattt tgggggtcaa gtctcttttg gtgttttgtt tttatgtata taaaaatgga660  
ttttgtgttc ctttccatg taagtaccaa cttatatgga aactcacaat cataatgtaa720  
agaagaaatg aaagcctggg gtattgtact tcaagatgcc tccctgatgt atagaatctc780  
cttgtaaaat aaataattgc attgtatatc agtcttccca tcaatattaa ttattaaata840  
ttttagaatt tttaaatacc aactat 866

40

45

50

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

- (A) LÄNGE: 224 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgttt 60
agacccaggt ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgca120
ggccagacca tctctgctgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaagaaa agcagccata180
gacaatatgt aaacaaatga gcaaggctgt gtgccgataa cact                224
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 846 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
ctccttgtcc aacggaaaaa acatggaagg gtttaagccta aacaaccctc aaacggaact 60
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa cccacaaaaa tacagagagg aacgttttta120
acctttaggg cctgcgtcct ctgcctttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtggaga180
aggaagggat gggacagcat cccctgggac gttcaagtac catccctggg ctccactctc240
cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctctcttgga ctctcagacc tgctgctttg300
```



# DE 198 18 620 A 1

```
tctctaccaa ccttggcagg gatctaggat ccattctagt qqatcaggtc ccagtcaata360
ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaactcat420
aggtgacgga gttccctttc aagctcgtgc cgaattcggc acgagcgggc acgagcttga480
aggggaactcc gtcagctatg agttgggacc ctggccctag actctgtggt tctaagaact540
tatttgagcc ccaatgggat tgactgggac ctgatccac taaatggatc ctagatccct600
gccaaaggttg gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtc agacgaggtg ctctggctgg660
tccactctct aaggctggag aaggagacc aggatggtac ttgaacgtcc cagggatgct720
gtcccatccc ttccttcttc actcctactc tttagacctg atggccaaag ccagagacgc780
agggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggt ttttactccc tagtgtctct840
gcataa 846
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 223 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60
ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggg ccaggacag120
gggaggggat ggggtgtggc agaaaggggt aacacaaagg agtcttgtga taatggaatt180
gttctggatc ttggttgttg tggtagttat gcaaggctac atg 223
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1374 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

15  cgaaagcgtc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60
    tgcaatatat ttttccgcct tttctggaag gatttcgctg cttcccgaag gtcttggacg 120
    agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180
    tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgctggaaga 240
20  gctcgtggcg tgcgacaacg cggcgacagaa gatgcagacg gtgaccgccg cgggtggagga 300
    gcttttgggtg gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360
    gttgatgaat gtggaccag acagcgtggg cctctgcctc ttggccattg acgaggagga 420
    ggaggatgac atcgccctgc aaatccactt cacgctcatc cagtccctct gctgtgacaa 480
    cgacatcaac atcgtgcggg tgcggggcat gcagcgctg gcgcagctcc tgggagagcc 540
25  ggccgagacc cagggcacca ccgaggcccg agacctgcat tgtctcctgg tcacgaaccc 600
    tcacacggac gcctggaaga gccacggctt ggtggagggt gccagctact gcgaagaaag 660
    ccggggcaac aaccagtggg tccccctacat ctctcttcag gaacgctgag gcccttccca 720
    gcagcagaat ctgttgagtt gctgccacaa acaaaaaata caataaatat ttgaaccccc 780
    tcccccccag cacaaccccc ccāāāāāāāā ccaaccacag aggaccatcg ggggcagagt 840
30  cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccagggc 900
    agagatccag gagctggcgg ccgccgatca gatggagaag gggggaccca ggccagcagg 960
    agacaggacc cccgaagctg aggccttggg atggagcaga agccggagtg gcggggcacg1020
    ctgccgcctt ccccatcacg gaggtccag actgtccact cgggggtgga gtgagactga1080
    ctgcaagccc caccctcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttggttga1140
35  acttggttg tcttgtctg caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg1200
    gctgaagttg ctctgtaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctat1260
    gttacttgca cttgttattc gaaccactga gagcgagatg ggaagcatag atatctatat1320
    ttttatttct actatgaggg ccttgtaata aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60  
 gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgtagga gaagaagaga 120  
 ggcagggaaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag 180  
 cagccccag gcccgaggga caggagactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg 240  
 gcccattcct acctcggagg tggaggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300  
 aacaccaacc gccccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtagcaaa gctgcagaat 360  
 tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca 420  
 tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat 480  
 ccaggccggc ttgccacacc cccacccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga 540  
 ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct 600  
 gggaaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg 660  
 gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720  
 aaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1825 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

agggaagcta qtagcggacc ggaagtgagg caccctcggg ctcgagacag cggcgacgtt 60  
 taaagctgag cgaccagtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcag gctcctccag 120  
 cccgagccag aagacccctt ccccagaat tctgggggcc gatggaagg agccgagtc 180  
 gatcgcgagg taccagagc cgacagaccg gagcgacagg gaggtagccag aagccccgcc 240  
 cctagagagtg atcggaagc ctcaccatc cgggtgagga acccgaggga ccgcctccgg 300  
 gcggagcgcc gaccatggct acgcccttg tggcggtcc cgcagctcta cgcttcgccg 360  
 ccgcggctag ctggcaggtt gtgcgggac gctgcgtgga acattttccg cgagtactgg 420  
 agtttctgag atctctgcg gctgttgccc ctggcttggg tcgctaccg caccacgaac 480  
 gcctttgtat gggcctaaag gccaaagtgg tggtaggagc gatcctgcag ggccggcctt 540  
 gggcccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600  
 atcccaaggc tacaagcag gatctgagga agattttgga ggcacaggaa actttttacc 660  
 agcaggtgaa gcagctgtca gaggctcctg tggatttggc ctggaagctg caggaaactg 720

# DE 198 18 620 A 1

```

aacaagagta tggggaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgcttttt gagtacttgt 780
gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840
ggatgcagcc tggagtctct atcacctctt ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900
5 tgggggtggct gcttcagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960
aacagaatcc tcctcagcaa caaagactag cactccacaa tcccctgcc aagccaagc1020
ctggcacaca tcttctcag ggaccatctt caaggacgca cccagaacct ctagctggcc1080
gacacttcaa tctggccctt ctaggccgac gaagagttca gtcccaatgg gcctccacta1140
ggggaggcca taaggagcgc cccacagtca tgctgtttcc ctttaggaat ctgggctcac1200
10 caacccaggt catatctaag cctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260
tagccatggg cacaagagca gcctccactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320
ggggaagggc tctgaaggag aaccagttg acttgctgc cacagagcaa aaggagaatt1380
gcttggtatt ctacatggac cccctgagac tatcattatt acctcctagg gccaggaagc1440
cagtgtgtcc tccgtctctg tgcagctccg tcattacat aggggacttg gttttagact1500
15 ctgatgagga agaaaatggc cagggggaag gaaaggaatc tctggaaaac tatcagaaga1560
caaagtgtga caccttgata cccactctct gtgaatacct accccttctt ggccacggtg1620
ccatacctgt ttcttctctg gactgtagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680
atgctctctg tactctagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttta gtaggaatga1740
agtgaagtc caggcttga ttgcctaact acactgctaa aatatattgt aatccttaat1800
20 aattaaactt tggatttgtt aaaaa 1825

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - 30 (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - 45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

ccgggattcg cctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggcggggagg tggacgcggg 60
taccggcggt cgtcgggtcg gcagcctttg gtcagttggc agcggaagc gcgctgcggt 120
55 tccggtggcg ccatgtcgtt ctgcagcttc ttcgggggag aggttttcca gaatcacttt 180
gaacctggcg ttacgtgtg tgccaagtgt ggctatgagc tgttctccag ccgctcgaag 240
tatgcacact cgtctccatg gccggcgctt accgagacca ttcacgccga cagcgtggcc 300
aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtg cctgtggcaa gtgtggcaat 360
60 gggttgggac acgagttcct gaacgacggc cccaagccgg gccagtcagg attctgaata 420
ttcagcagct cgtggaagt ttgtccctaaa ggcaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480
taggcgggca gccacacccc acccagacg gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540
tccaccttgg agttggaacc ctgggcgtcg agacaggaag gcagggcgca gtggttgaaa 600
catcaggaca ctcccaaggc cccggctctg aacaagacct tttcgtttct tggaaaagag 660
65 actcatttgc tgatggttca tgccttctgc tgggacaggc ctgggctgtg cagccacact 720
gtcggctgac ttagcccccct gctcactcta ggtgcctcca ggaggtgagc cctgggtgca 780

```

# DE 198 18 620 A 1

gctgggtctct	gaatgaagtt	acacccctcac	cttcttttct	tggccctgvc	tctggactct	840
ccccgtgtgag	gcccaattcc	aagacagact	ctcgtcctca	ccgaagctta	ggccccacatc	900
tcccaggctg	cttaggagac	agaatggaaa	cggaggccgc	ccctgccagc	cgccctggcc	960
ctggctactg	catgatccgc	tctgggtcaaa	cccttccagg	ccagccagag	tggggatggt	1020
ctgtgacctg	ctgggaaggc	aggctgatgg	ggcacaccct	tggcctctcg	tccacgaggg	1080
gagaaacctt	aacctgtttt	cacaatctgt	gcggaagtag	cttgcctcac	ttctgcttag	1140
gaaagcggt	gttgctccat	aactctaacc	agcacagggc	tgaggcctgc	agtgcacacc	1200
tgcaggggag	cccttcccaa	ggtgtggtga	ctgtgcctta	ctgtacatgc	tcggaggcct	1260
ggccatatag	gagggtgggt	gatgctgaaa	tcacccccca	tcttaagtaa	ttacttttctg	1320
gagtaatcag	gtggaaatcc	atagacaaat	gaaacattca	gatgtaaaaa	aaaa	1374

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1234 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc	tccctggatct	ttgtcaacct	gactgtgcga	ttctgtatct	tgggaaaaga	60
gtcctttttat	gacacattcc	atactgtggc	tgacatgatg	tattttctgcc	agatgctggc	120
agttgtggaa	actatcaatg	cagcaattgg	agtcactacg	tcaccgggtg	tgctttctct	180
gatccagctt	cttgggaagaa	attttatttt	gtttatcatc	tttggcacca	tggaagaaat	240
gcagaacaaa	gctgtgggtt	tctttgtgtt	ttattttgtg	agtgcatttg	aaattttcag	300
gtactctttc	tacatgctga	cgtgcattga	catggattgg	aagggtgctc	catggcttcg	360
ttacactctg	tggattccct	tatatccact	gggatgtttg	gcggaagctg	tctcagtgat	420
tcagtccatt	ccaatattca	atgagaccgg	acgatttcagt	ttcacattgc	catatccagt	480
gaaaatcaaa	gtagattttt	ccttttttct	tcagattttat	cttataatga	tatttttagg	540
tttatacata	aatttttcgtc	acctttataa	acagcgcaga	cggcgctatg	gacaaaaaaa	600
gaaaaagatc	cactaaaaag	aaagatttag	atggcttctt	gccagtttga	gcctaactctg	660
attccttacag	ttttaccttc	ttgaaccaat	gtaaaagtgt	ttttaatgtt	aaatgattaa	720
attctcagtg	aggctatctt	ccttttcccc	agtaacattc	ctgaatttac	tggtatctta	780
ttgtagtact	tgcatgacat	ggattcctga	tatctgatga	gaggttcatt	cttgtgtatt	840
cagttaatga	cacccaaaagg	ctcagcccac	cccaacccta	tctcatgttc	agtctgtcta	900
atacatgcc	gagatttttt	tttcaaaaag	tgctttatcc	ctacaatgta	ctgacagttc	960
ttacagttga	gatttgttct	tttcagctat	tgcttgtgaa	aaaaagcaag	actatgtcac	1020
tctatagaag	gctgttaaag	tgactcaggc	aggaattaat	tattctgtac	ctaaggggtt	1080
actgttttaa	tgggatggca	ttgacttttt	gaaaatcaag	tggactgagt	cattgataaa	1140
acattttctaa	gagtggggct	agagaacata	ctttacatct	gacatccttt	ggcctaacaal	1200
catctattat	tatagtgtct	agcagtgtgg	gcattgaaga	ggcgcagaat	gctttgaaag	1260
aaactaatca	gaatcttgga	acatcatgat	catgccattc	ttaagtaaat	caactatttt	1320

```

caacactgaa gaaaaatgaa acattatttta gazaacaatg agattacaag ttccaaactc1380
agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcactttg ggacacctag gtgggagcat1440
cgcttgaagc caggagttca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500
5 aaaaaataaa aaaatttagct ggggtgtgatg gcacacacct gtttgtccca gctactcaag1560
aagctgagat gggaggatcc tgagctcagg aggtcaaggc tgcagtggac cgagatttgt1620
ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740
aagggaacac agtatgtagg tcaaaactggc agtaacagtg tacagccttt gacaaactag1800
10 aaatattaga gtaggccaaa cacacctcca aactgtaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860
tggcagcctt ccatctcctg cactggctga gtccatttac ttgtgtactt gttctagtga1920
gtggtgggac tgtacatttt tgaatagacc tcaaaaatac ttcattctgc tgctgttcag1980
ttggcttttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cgggggtgaac2040
acccgctgat cctttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaa2100
15 ttttagacata cagttggcca ttgtaaaaaa catcagtttc ctctcataca ttccaagtaa2160
accaagtaaa ataagtgttg gagtaacact tgcataaaag aatttaagga gtgatatgctc2220
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280
ttcactgagc ccaagatgga aacttggttt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaa gatattttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400
20 tacttgtttg tattgatttc tgatattctt gcagctgact acgtgttaatt gggcagatca2460
gctttgcagt agattatgct gcattcctgt ggcaaaattc tgtattctta gtgattgtta2520
caaaccctt tattgtctgc tgagaaagtg aaagattgtg tatttctatt aaaacattta2580
caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg
2615

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gttggcagaa acccggtatc cggttccggt gggcctccat cagcaagctc cagtgtctacg 60
tgtccctggc attttagggt tcggttggtt aggcagtcac ggatcaggta atgcagtttg120
60 ttgagccaag tcggcagttt gtaaaggact ccattcggct ggttaaaaga tgcactaaac180
ctgatatgaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240
gattcatcgg cttctttgtg aaattgatcc atattcctat taataacatc attgttggtg300
gctgaataca ttttggaaga gagtttttca tcttagagat tgggtgaacaa gtgtgagggt360
gtgagaaact cacagaatac aaatttgcct gtatgttttg tgggtttttt tttttccttt420
65 caagatgttt tctatttcta aattaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480
cgcgccgcgc aatttagtag tagtaggc
508

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3588 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

ctccgtctca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaag aaaaggggaag ggaatcccat ttigtgatga 60
tttgggcaca ctacttgagc tgaggctagc agtcacatga ttttggctgt ctctgacctg 120
aagcttttga agtaagggtta tgcctcttcc ctgaagcttt gtttatagtg gtaatttggg 180
gagtttgagc tttagcttg tcttagaaaa taagactgtc cacctgggga ggggagctta 240
tagggaaccc gtgttaactc agaattgctga agaaagtgc tttagccaac aaaagtaaga 300
ttactatcta gaaggtggaa agaagtcatt gcttctgttc ctccagcagt cagttgactc 360
taggtttcct ttggtttata tcccagttc ttaatactaa aacttatttg acttcctatc 420
aggaaagcaca caaaaaaagc gtcattttaa accctggata taggctttta aggatacaaa 480
aacagcagca ttgtcgtttt gccaggttca tcaccatttt gatgtgctac ccctccttcc 540
accctccctt tcttgccccc aagcctccca gccaggccag atgtgaagat tctattaatc 600
actgtttcag agaacattaa ttcttgata gaataattat ctactaaatt gcttattatc 660
tgtgactacc ttgcagagaa catctcaaca gtgcagtaaa atagctctcc tagacttgag 720
cttcagacca ggcatttaga tcaactctaa gcctttgttg aattctgagg aaaaaaagca 780
agatgcctca atgccaatgc tgggccataa gattctactc ccctccctgt aggggtggggc 840
gcgtggctca gctttggaaa atcattttgc cagtaattat gcctgtgaat ccctttaaga 900
agtcgtctcg atctgagcct gtctttctga gcactttggg gctgaattga aaatggtaag 960
ctaaagcagt gacagatcca cgtagcctct ttaacctctt tattatcttg ccaaaaaaaa 1020
agtttctcag gtaaacctt tgcctttaac ctccctttgt tgtggagaaa atgtgtcact 1080
aatcagtggt ccaagggata tctagctttg gttactcagt tcctgcagca taacagatat 1140
gacttatgcc aggggaagga gaggctgatt atggagacac ccaggaacag gaataagaag 1200
ggataggtct gctccacgta gaacctcccc agatcggaag ttaagtcttg gagagtttcc 1260
aaagtgtgta agtaaaaagg agacttgag ggctttgct taatgagcaa gaggcttggt 1320
tcctcccaag aacatgaggg agttcagaag ggagctatag ctacagaca gaaacctgcc 1380
cgctaccccc atccctcgtg actgggagca tgtttgctca gaattttcta agaggactct 1440
cccttcaaaa atccaatttg ctcccagaat gttgtttagc ctctgagaat ctactcttt 1500
catttccatc tgtgaatgga catagatgtg ttgctcagg atcagaaaca tcagagtcca 1560
gggcccagtg gcatggtgtt gcattagtag ttagaaaagt aattgggtcag ctctactgt 1620
aaagaaataa gtatgtagta cagttttgta aatgtcaggt ctgttctgtt gttttgtgat 1680
ctgaagactg tcaaactggg tgataatcaa agaaaagggt ggtggttaga ataagtaaaa 1740
tttcagttag aaagatatag cttaccagtt ttccatgtgc ttaaggaagt caagaatatt 1800
tcagggtgtt gagaactgtt gtaaaatgga attgaagcta gtgtctctca ccttcttagg 1860
tgtatcagag agaggaagtg gaaggccagt agtagcatct tcatacttac ttttgccagc 1920

```

```

ccagcctcca tttcaaagac tttgtcttcc atcctatcca atgacatggt cagggatggg1990
ctctgaggag gcagtgaggc cccaccttgg tttgtctccac tgtgtgtgt agtctccaaa2040
cagcttaagg gtttttaagt tttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100
5 atcagaaagg ttaacatccc tgggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctagtgtgtc2160
ttctccccct ttccagggtg gccatccata tacaatctcc tcttgccaa gttcaacaaa2220
tgtttccagg gaaccccggtg ggttgaggca aagtagccaa gatgtattga gttaaagttt2280
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt tccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340
cgtaaatggc caagttgagt aatatctgtg gaactgagac agagagccag ggacctatgt2400
10 acccagggac cagtccccctg gggaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460
ccagaactct gctgctgttc atttccatca ggaccacca ggaaagcaaa taagttagcc2520
ttctcatcat taggtcacct aatctcttgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580
tgttttagaga gtgtgttcat aattgtagaa agggatagaa aatggaataa ccaagaggct2640
gtgtcatattt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactgggaat2700
15 ccaaggaatg gtgctttagt ggaaagagag gtcagttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760
cttgtgcggg ttataaaaca aggagctgga gtaaaattgc ccttaccccc aatccaaatg2820
ctgtccagga tttaggagct acccaacctg tggttatatg gtgttggtt ccattttttg2880
ttgttttgct tgtttccaaa atagccttgc ttggtactgc atggaaagtt caagcttttc2940
ttcttgcccg ctacgggctg gcctcttccc cgtgtcttca cagcgccct aagggaagatt3000
20 tttgcagcac tctctggagc tgaggggagt gaaatttggg ccagagaagg cggaaggaaa3060
tagttttcct gtttcccttt ctcgagggtg atgtcctcag gcttcttca cacctccttc3120
tcatgggtgc ggctggcagt acagtcaggc tgtggaggag ggctgagaag aaaggggcac3180
tgggtccagcc ccaggttttg tctgagacag gtacacagca gataccatcc caccttcctc3240
tctaagaac aggccagcca cacatataac cctttcccta ctttactaat gtatccctta3300
25 tgtggtacca gcaatggagg acaggcagac ttaccccctg ccatctagag agaattgtgt3360
tattaccctg aaaacttgac caccctcata tccactcct ttttgtaaaa acaaatgctt3420
aaacctgtga gcctgccgtt cttttctatg tgttaatcag tttccttcca tttgagctgt3480
gtgggaggga agggcattga aattgtaggt tgtaatcttg tgccaaccaa taaaaaccag3540
tatttcacac acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3588
30

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```

tgttggtggt taaataacaa atctgctaaa gttaggcaac aggcagctga cttgatttct 60
cgaactgctg ttgtcatgaa gacttgctaa gaggaataat tgatgggaca cttgggtgtt 120
65 gtattgtatg agtatttggg tgaagagtac cctgaagtat tgggcagcat tcttgaggca 180
ctgaaggcca ttgtaaatgt cataggtatg cataagatga ctccaccaat taaagatctg 240

```



# DE 198 18 620 A 1

```

ctgcctagac tcacccccat cttaaagaac agacatgaaa aagbacaage gaattgtatt 300
gatccttggtg gtcgtattgc tgacagggga gctgatatg tatctgcaag agagtggatg 360
aggatttgct ttgagctttt agagctctta aaagcccaca aaaaggctat tcgtagagcc 420
acagtcaaca catttggtta tattgcaaag gccattggcc ctcgatgatg attggctaca 480
cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaagg cagaacagag tttgtaccac tgtagcaata 540
gctattgttg cagaaacatg ttcacccttt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600
agagtccctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaat cgctttcctt cttgtttgaa 660
tatattgggtg aaatgggaaa agactacatt tatgccgtaa caccgttact tgaagatgct 720
ttaatggata gagaccttgt acacagacag acggctagtg cagtgggtaca gcacatgtca 780
cttgggggttt atggatttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttggtgaa ctatgtatgg 840
cccaatgtgt ttgagacatc tcctcatgta attcaggcag ttatggggag cctagagggc 900
ctgagagttg ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960
ccagcccggg aagtcagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattggttcc1020
caggacgctc tcatagcaca ttaccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata1080
atccgggtta tgaaccttgg cctatagctt agtaatttta agtggtttat tttggtgggt1140
aatgccact gcttcacacc ttaaacttgc tttgagttgg tgggtgtacc tttaaacatg1200
cagatcagtg gtgactgg 1218

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

gtgctcaaga agtgccttga gttggtgtac agtgccatgg ccagcaagaa tcccagattt 60
cagggttttat tacaaaatgt aagtgggtcac ttggcgattt tgtagtacat gcatgagtta 120
ccttttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgttag 180
agtgacacaac aaaatcacta tccattaga cacatcatca aaagcttatt ttattcttgg 240
cactggaaga atcgtaagtc aactgtttct tgaccatggc agtggtcttg ctccaaatgg 300
tagtgattcc aaataatggg tctgttaaca ctttggcaga aaatgccagc tcagatattt 360
tgagatacta aggattatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggatta 420
ctggaatacc catgggccct ctcaagagtg ctggacttct aggacattaa gatgattgtc 480
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatcttgttt gtaaagttaa acttctaaaa 540
atatggttaa taacattcaa cctgtttatt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg atacccttt 660
ttcacgttgt gccaacggaa taggggtgtt gatatttctt catatgttaa ggagatgctt 720
caaaatgtca attgctttta acttaaatca cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780
attgtgtata taatgtttta tatttgtcag agcattctcc aggtttgcag ttttatttct 840
ataaagtatg ggtattatgt tgctcagtta ctcaaattgt actgtattgt ttatatttgt 900

```

# DE 198 18 620 A 1

```

accccaata acatcgtctg tactttctgt tttctgtatt qcattttgtc eggattcttt 960
aggctttatc agtgtaatct ctgcctttta agatatgtac agaaaatgtc catataaattt1220
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tgtaaagagg agaaaaaac ataagctgtg1080
5 tttccccata agttttttta aattgtatat tgtatttgta gtaattattcc aaaagaatgt1140
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtccctaa cactacagta gaagaatgga1200
agcagtgcaa ataaattaca tttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaagt1260
atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttccagaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttaa agggctcctt 180
45 tcggatctac cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac agcgtccac aggaatgcac ggtaggatt tacattgttc gaggcttaga 300
qctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag tctttggcag 420
gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
50 ttatgacacc ttaccgccgg atgaaaaagt aggagaaaca attattgatc tggaaaaccg 540
attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gactactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaatgtcg ccagattcaa 660
aggcttcccc caaccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
55 agagcggctt gctcttcaca tctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catctccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggcctcct ttcaacatca caccgccgaa 960
agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgta tcttgacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaal080
60 tgaagaaaaa aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatgggt aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttcagacc gaacaactct gtatcgttgcl200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
tgacttgctg cacacgatca ttcctgcaaa atcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
65 tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440

```

# DE 198 18 620 A 1

```

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcgcgcg taatggctgg1500
gaaagtggag atgacatttg aaatcctcaa cgcgagggag gccgacgaga gycacgcccg1560
gaagggcgcg gacgaaccca acatgaaccc caagctggac ttaccaaate gaccagaaac1620
ctccttcctc tgggtcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatogtgt ggcccgctt1680
taagtgggtc atcatcggtc tgctgttcct gcttatcctg ctgctcttcg tggccgtgct1740
cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggctt catttcaaga gtcacccagc aatgagagaa tcctgcctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca ccccgatgac aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tgaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcgg2100
tctagacttc agcttttggg aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
gttagaacia ttctatttta tggccacaac cattgctata ttttgatatg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaatggtt tcacctttaa aac 2333

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1377 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

cattactggtt atatgagaaa catttttagta atttaataaa aggataatgt ttattttaaaa 60
aacctgactt ttccagagta attttggttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120
ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaatttgtt aaatacaatt gacataggaa 180
ttacattaaa atatttaggaa gaaacaagga caaattttaga ccttgaatcc gaagagataa 240
agcttacttg actttcaaat ggagagatga tgaaaaccca ctcatcagc ctttcagAAC 300
aaaaagacag tcattctgata agagtatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgga 360
catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gagcagaagc 420
caacattagt aaaaggaatc ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tgaaagtaca 480
ataaacttct tgttcaaatt accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540
atttatattt attgatcaag ttctaatttg tatgtatatt ttgtgcatat tcaccaataa 600
cagttaaaat taattatgtg ttatagttaa tatatgcacc taccttcttc cgttagtgca 660
tcagtaaatg tgttattttg tcatttttcc aaagagagtg ttgtagggtt tccctgtagt 720
tcttccttta tagcttttct tctgataacc atgacttcag gagctttaaa actatctatc 780
ttgcatttgt gtctggcgga gaactagcca tcagcctcct gaagcctgcc atcattgtta 840
atttgaggac tgggctgtct tggggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgtg 900
tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagtatt gttagagatt tcattttaca 960

```

acacaaaaat aagcctgtgt caaagatddd aaaatcatgg aaggttaaiaa tctagaaga1020  
 ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttzaacgt gaaggattca tagcacagat1080  
 tacttgccca agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaa1140  
 5 ttagtcccca aattcagtggt tcttcctagt attaaacatt gcccctttcg acaaattttg1200  
 gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaacc tgctgattta ttaggttact gggtagatga1260  
 cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtggt1320  
 ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcatgtaga agttataaag cagagta 1377

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggaact ggtcctggta 60  
 gtgttgagac aggacaggca cttagttctg atgctgtggt cctttgtgat agtagagcac120  
 cggggttaac caccactcct ttaggctact ttagtgaca acagaagtaa aatatttcaa180  
 ttatttaatt tagaatgtta tgttttactg gaacctgcaa tatgcatgta cagaattaat240  
 45 aatttttact cttttggtca agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagtgagac300  
 attgacaggc ctttt 315

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

15

```

atgatcatgc cactgcactc catcctgggt gacagcaaga tcttgtaaaa aaaaaaaaaa 60
aaaaaaccag gagtgaaaaa ggaaagtaga aggcagctgc tggcctagat gttggtttgg 120
gaatattagg tgatcctggt gagattctgg atccagagca atttcttttag cttttgactt 180
tgccaaagtg tagatagcct ttatccagca gtatttttaag tggggaatgc aacgtgaggc 240
caactgaaca attccccccg tggtgcccc gtaggtcaca gtcaaggttg gagagtctcc 300
ttccagccag tgacctaccc aaaccttttg ttctgtaaaa ctgctctgga aataccggga 360
agcccagttt tctcagctgg tttctagcct ctccagactc agcccaaatt aggaagtgc 420
gaagcacatg atggtgaaaa acctaggatt tggcagcctt ccagaatggt atggaatctg 480
agggaagatt tatgtttcgt tttggaggat agctcaagtt gaattttctt tccagccagt 540
taccctttca acctacccat actttgtaca actcttacac aaatacttag atatttatt 600
gatagcccty aallcactct aattataaac agggagtgtg aactgcccc agatgttctt 660
gggtgggta aaagcagctg gagtgaagca ctcatcttcc ataaaggtaa caaagggcag 720
ctcagtgggt actcaagctc aaaagggttt ttttaagagc aagcattggt taagtctgtg 780
tatactgagt tggagtgat ttccagcacat tcttttttag tggagtgaat gttctgaagc 840
ccccttttaa ctctctcttg gtttttcatt ataattggtg gccatctcat gaactgtctc 900
tgactgttgt ctctttgtgg tcatgtgatt gtgagcttgc tttctgactt gcatttctga 960
ctttatcctg ttgttaggaa gatagaaact aggttttgaa agattacatg attcaagcga 1020
gggattttta agtaaatgag tatatttctt gaagaatcta aaagataaca gattatttgc 1080
ttatgaaaga acaatatagt ctgggaatcc cagaatgtca agccaaaggc ctaagaagtc 1140
atctccttca aatactttta taaagaagta tttcgaggag atatctgtcc aaaaagggtt 1200
gactggcctc cagattccag ttatttttaa aaagcaactt accactaat ccttgagtct 1260
ccatagagta acagtaaaga aactgatgta acagactctc ctctcaaagg atctcctctg 1320
gaagagacta tcagcggcag cattctccag ggaagaccca tcccctagtg ccagagcttg 1380
catcctggag actaaagatt gcactttttt gtagtttttt gtccaaatgc aatcccattt 1440
ctgtgcctct tagcatgcag ttagatttgg acaacaaga ttcctaagga atgactttat 1500
taactataat atggttacag ctattatata aatatatatt ctggttatag ttctaatatg 1560
gagatgttgt gtgcaatgct ggctgtgtgt ggtctgtgta atgctttaac ttgtatggag 1620
gaggccaggc tcagagctga gatgtggcct gaaccttccc tgtatcgatc ctttaattta 1680
gaactgtcaa gatgtcactt tctccccctc tgccttttag tggatctga catatactca 1740
aaacagtaat ttctgtgtca catcattaac tgctaattct gtattttata agaattttca 1800
gatggacatg tacaaatttg aactcaaacc atccccagtc cagatacagg gcagcgtgta 1860
ggtgaccaca ccagagcctc agcctcggtc cttctcagcc gtcgggtag gatccaggca 1920
tttcttttaa atctcagagg tagcagtaaa cttttcagta ttgctgttag caagtgtgtg 1980
tttgccaata gataccatt atactaatgt gccaaagtaa tgttcattgc acatctgctt 2040
ccactgtgtt cccacgggtg ccatgaagtg tgtgaggagc ccctcatctg gagggatgag 2100
tgctgcgttg actactgcta tcaggattgt gttgtgtgga atattcatct acataaattt 2160
tatatgcaca gtaatttccc tttttatatg tcaagtaact atttgtaaaa gttatactca 2220
caaattatta taatgattac taatatattt tttccatggt tcattgcctg aataaaaact 2280
gtttaccact gttaaaaaaa aaaaagtaaa aaggaggag tgggaaaaaa aagctggggg 2340
gggggcccg tagcc 2355

```

25  
30  
35  
40  
45  
50  
55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

25 attcggcagc agcatgaaac atgctcattt. tacctaacag taaacaagta tgttttgata 60
   gatattctgtt aatatgctta tagtggttaag aaatggactt gaggtcccag gagatttcat 120
   ttatttcacc ctggtcagat acaataaagg ctatgagtat aaatacataa cttcctaacc 180
   aggtgtaggg catgttcatg aatatcaa atctttgatgc tggacccaag agaggaaaag 240
30 ttgtagctaa atgttgattt acttataact agacgtctat gtgagaaaat atatgtatac 300
   atatatatga tatgcagaag tcactttttt tatcaggctt tattctcctt acaaagccac 360
   agtttaactg tctgcaacag ttggttttatg ttaatgatag acaaataccc agtggttgtt 420
   actttttcca actaccactg taatgataat ctttctcacg tatatacatg caacttcttg 480
   gcttcatttc catgaagctg ttcaatata ttcagtatac tttgtcctta atgctgcttc 540
35 tgtaaacagt gatctcttct tttttttcat tcttatatct tcattagtgc atcataaatc 600
   tgtccagttg aggcctcagg accacggcat gatttcatga ctccgaagta ttttacagaa 660
   acatttttta aataagggaa atattttata taccagatgg ttcacaagtg atggctcata 720
   gctagttttt ttttttcttc taaaaaatgt caggttttta aaatcattta ccttatttaa 780
   atgaaaagtg ccatacttaa cttttaaagg aaagacctga cttgcttttt ctctatttag 840
40 actgtttttg tactttacta atctttaaac tatcaggaaa aaaaccaaaa ctttatacca 900
   atgatttagt aattttgagg catagggtag cttacgtagt ggaggatgtg ccaaattatc 960
   tcttcaaagt ccaccttctc aatttataac taaaatagtg ttatctgact aattcctctg 1020
   aattttgatg taagatctat ataggcccc aaaatgatcg tagtacatgc cagtcatttc 1080
   tcagtgaat aaatacaata ccagagtaca ttatgggttt tattgctttc ttttatggta 1140
45 gacctgttaa tggggaaaaa atacatcaaa tcaaatagaa tcttatatct gtatgttaaa 1200
   atagagcact tacctgaagt cagtggcctg gatcatagcc ctggatcatt tccagtcctg 1260
   tctgtgctg ggtggacctt ggacaaggcg ctgcagtagg tgatggctga gagcccttcc 1320
   ctgttcccaa gtgccttgt                                     1339

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

gatcgcgagc ggccttttga atctatttgc caaaagaagt ttcatTTtTg ttacttagac 60  
ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaacgtt gacttctggg 120  
caaacctgaa aacctgaaaa tgccactttc atgcagtttg tttgaagtta agtggaatcc 180  
tttcaaatga cgagctgcag agaactcagc accaagggtt gcctatctgt agatagctgt 240  
aaaatggaat attttttaaT gaaggcaaat aagtacttaa aagtgaagctg agcaataaaa 300  
tggtccaata ataggtaaat gcaacagaaa cagaaggaga cctggttgcc ttatgccttt 360  
actcttacat ggaataaatt cccaatgcat atcctatgta aaccataagt gaagggaat 420  
aaacctcgct atgctccatg ctgtgaggtg tcctttggat attctgtgat gacagagaag 480  
cctattttgt tttgttttca gcatctttct ctgatgtacg tttttaagga ttttgtaaga 540  
gctgttttca gtgtttaaT tagtgctatt tttccttgtt tttaaaaatg aatctcgtac 600  
tgtatctttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag ttttattctt agactcatgt 660  
gatccaagct gtatatacca tatataaaca ttttacctga atcatttagt tttttaattc 720  
atttactaat gctataaaat ttctatattt accccagtaa ttgcatcag ctggtttata 780  
tactaaagca acatgttttg atgagtttct tacatcctta tcgaggaaTt gggttaggaa 840  
aaaatacata attgtaaaac tgagtttgcT gtattatact tttttctctg agtattagtt 900  
gtattactaa tcatagttg attaactgtc tacttaaagt caaggtacct gtatttttaa 960  
tccactaat: tttttttag: tgggaaatag atttcaggtc ttttattaga ctaacattttt1020  
ttgagaagta aaatgactt: catatacaaa gctgttaatt ttaggcgaaa tgggaagcaga1080  
aatctaaqaa ctgtgtcttg ctgtgatgtt gagtttggtc tcagactaag taatgcatca1140  
gaattcatct ctttgaagcc tgaaataatt taggactctg attcactgac caaaagtcag1200  
tgttgca jaa atttctctac cccgtatggt attttgttag attgttcaac aggaagcaca1260  
tgattgagaa catcttgga cagaccaaaa ccactgacag atggcaaggc tcggcgattc1320  
tgatttccct tctcaaatct gctcaactcc aagagtcttg agaaactgct aaaatttttgc1380  
ctctg:cacl caagtcttac aaatgttatc ttgtaaacct ttgaggtgaa ctattccact1440  
gtcttqlac: taggcatctt attcactgca ccctgtcaca cccagcacc cccgccccgc1500  
acattatttg aaagactggg aatttaattg ttaggacag taaatctact tctttttcca1560  
gggacgactg tccccctcaa agttaaagtT aatacaagaa aactgtctat ttttagccta1620  
aagtaagggc tgtgaagaaa attcatttta cattgggtag acagtaaaaa acaagtaaaa1680  
taacttgacc tgagcaccct tagatccctt cccctccatg ggctttgggc cacagaatga1740  
acctttgagg cctgtaaaagT ggattgtaat ttctataag ctgtaaatagT ggaggtattg1800  
tgggttcaTt tgagtaagcc ctccaaagat accattcaaa taacctggga gaatgtcata1860  
aattattcag ataattaaca ctgcatgaat ctgattcaga ggcattgcatt tacatatgtt1920  
gccctaatt: ccatttgatg atcataaata caagtgaatg acattggact tttagtaaca1980  
aacttaattt ttaaaaaggt gtagacaatg gtggttaaaa aaaaaaaaaa aacaggtaac2040  
aggttctgtc tgtttgcacc aagtaattga catgtttttt gtttaataca tgtggaccat2100  
gaacagtatt catctactt tttcaaatga tatgctgtag aaaatattcc ttgaagatgt2160  
gagattttaaT aattttttccc tttcaatgtt gttttaattg tatttcttac ttggtttttt2220  
tgattgatac cacagtata aatcataata ctagacaaaa ttgtcttctc tttcaaacca2280  
gagccataTa tatgttrgtat tatatgggac ctactgcttc tctgaggaaa tgcataatct2340  
gttaatatca gacaaaatga gcaattggca gtgctcataa tatattccaa tttttattgg2400  
aattttcgat ggaatgttat ttcaataaag ccattgtaagg tgaaactttg ataacttttt2460  
actcttcaag ttagggtaaa ttctgatcca atattcaatt cattttgtga ctcccacatg2520  
caaaatgcta aattacaatg cagacattaa gaaaaagtat tgactggagg ggttgaattc2580  
cttgagaatt tattttatag tctaaatcac aaatacttta ctcaatttag tttttaaaat2640  
agtaaaactga atatttttTt tgtaagccta tcagagtcaa tccttcgttt ggaattgttt2700  
tcctgttttt ccttactata aatcatttaa aaactgaatt cattttctta gatggcataa2760  
gtctgtctct tgagaaataa gtaaaatact cctattttca gtatctgtag cacctgaaat2820  
agggtctttg atagccagaa acaagttatg ttgaagttag cttttctttg tcaacagttt2880  
tggaacaataa aaatctgaaa gtattaacac ttgattttct actggggccc ttcaaacttg2940  
gttggaagaa attcaaccag aatatctaca ttagagtata atcatgtgtg taggaagat3000

# DE 198 18 620 A 1

```

ggactagtta atcaagattt gttgtcactt aaatTTTTtg tgattttttt ccaagccagt 3060
TTTTTaaat tctaaatgtg ttttgaggta tgggtacatt ctttgtaatg taaactat 3120
tacaactgtt tttgcgactt tataggcagg taaatTTTgc tattactatt gaatacaaat 3180
5 gacaattcat tttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca tttagtgaca aaggattaaa 3240
acatccatct ggatgttaat tttgaagatg taaattatat gttgtttaaa tttttccagg 3300
catctgaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tgggattctg 3360
atTTTTTaaa tagtacatat cattaaacca ttttctctaa atgtaagaag agcagaaaaa 3420
atcttataag attatcagat ttttctaata acacagaaat gtaagaaaaa aatcccttta 3480
10 tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc 3540
aaccatctaa tgctataaag atTTTTgttc ttctgtttca caaccagttg tataacagaa 3600
atactagcta ctgttttctt tctgtgtgtg gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg 3660
ttatgtattc aattaaacac taaagaataa aacattcact cctttaatta ataaaaaaaa 3720
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     3751

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```

cgctcggccc ccgcggagag atcgaggtgt acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60
atctatgtca gtaccctgtg cgtccagcct cgatgaccta cgatgacatt ccgcacctct 120
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagcttga gatggccatc gacaccctga 180
50 accccaacta ttgccgcagc aaaggggagc agattgcgct gaacgtggac ggggcctgcg 240
ccgacgagac cagcacgtat tcttcgaagc tgatggacaa gcagaccttc tgctcttccc 300

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

gccaaccttc cctcccccaa ccctggggcc gccccagggt tectgcgcac tgccctgttcc 60  
 tcttgggtgt cactggcagc cctgtccttc cttagaggac tggaacctaa ttctcctgag 120  
 gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180  
 ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct cctcctttt tattttcaag ttcttttta 240  
 tttctccttg cgttaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgtaacc ttaccggccc 300  
 cgccccctcc ttgctacccc actcllyaaa ccacagctgt tggcagggtc ccagctcat 360  
 gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420  
 agtcagagag ccggcactct cagtgtccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480  
 cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540  
 ggtgagccgg ctgcaggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600  
 gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtgggg agagatcccg 660  
 gaaaaggaga gcagtgtcca ccaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctggg 720  
 tcccattaac gccacctcca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgatgt ggcaaccagc 780  
 tcttaggcgt gggagaggcc taagggcccc aggatatggt gtccgaatcc aggatgctgg 840  
 agtttatctg ctgtatagcc aggtcctggt tcaagacgtg actttcacca tgggtcaggt 900  
 ggtgtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctattc cgatgtataa gaagtatgcc 960  
 ctcccacccg gaccgggcct acaacagctg ctatagcgca ggtgtcttcc atttacacca1020  
 aggggatatt ctgagtgtca taattccccg ggcaaggcg aaacttaacc tctctccaca1080  
 tggaaccttc ctgggggttg tgaaactgtg attgtgttat aaaaagtggc tcccagcttg1140  
 gaagaccagg gtgggtacat actggagaca gccaagagct gagtatataa aggagaggga1200  
 atgtgcagga acagaggcgt cttcctgggt ttggctcccc gttcctcaact tttccctttt1260  
 cattcccacc ccctagactt tgattttacg gatattctgc ttctgttccc catggagctc1320  
 cgaattcttg cgtgtgtgta gatgaggggc gggggacggg cgccaggcat tgttcagacc1380  
 tggtcggggc cactggaag catccagaac agcaccacca tctaacggcc gctcagaggga1440  
 agcaccggc ggtttgggc aagtc 1465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1488 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cgcccgagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgtcttggc tgcgcgcgcg 60
ctcggccccg ttgcccgagc ttccggcgcc cggacgcctc tttgaccagc gcttcggcga 120
ggggctgctg gaggccgagc tggtgtgcgt ctgccccacc acgtctcgcc cctactacct 180
gcgcgcaccc agcgtggcgc tgcccggtggc ccagggtgccg acggaccccc gccacttttc 240
ggtgctgcta gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tgggtggcga 300
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcgcccgat gagcacggat tcgtcgcgcg 360
cgagttccac cgtcgctacc gcctgccgcc tggcgtggat ccggctgccg tgacgtccgc 420
gctgtccccg gagggcgcc tgtccatcca ggccgcacca gcgtcgcccc agggccccacc 480
gccagccgca gccaaagtag agggggctgg gccgcgcccc cccccggga gcctctcag 540
gtcctctcta ttaaagccga tctgactccg ccagccaga tgtcccagat gcgccaagga 600
ctgtctcttc acccaactct ggattctgcc ctgacctcca tcctggacac tgccttgata 660
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tcagctttc cgacccaca 720
ccgacaactc ccgggcttcc agaccctacc agcactacc taacctcag ccgacagtct 780
cagccccacc gaccactttt cttggcatat agccccactt aagaccctc ctctacttcc 840
ttctgagtc tctacaaaga catccgggta ctacatttcc atcccttccc tattttgaca 900
ccaaattatg gtgtagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatcccccca 960
cccccaaac gtcttgact gcacagacct cccactccag accatccag cctggttccc1020
aagacccgat ctttccctg caaccagaca gtctacaact gccccctcca gccattttc1080
tgccgtgaaa ccccagccag ccacaccaga ctctggaacc ctttttcgac tgccccaact1140
cttggaacac agcccaacta gaacaccaca caccaaactg tacagactct cccaccccaal200
cccccacga ctctgcangg atgtcctagg ccccttccc aactctaacc agaccccatc1260
cccctaagtc ccttctctt gacccccaa gcttcaacca gatctctcg gcaacccacc1320
tcccaccctc cctctctct ccttcaagac ccaactgagc acccgctctg attccccaca1380
gcctttctcc ctgcacacac tcccttagtc tttcccaggc ttactctccc aataaatgtg1440
ctagagctct gccaaaaaaa agaaaaaaa gtcgacgcgg ccggaatt 1488

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```

aacataattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggaggga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttgggtcatt ttatgttaag120
ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg240
atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatctttctgc cttctcatga tccaactaat300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgcctgaata tttgttatgt360
agataacaag acctcagtg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa tagggctaa420
ctcagcaact cgctttaggt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctggtgaagc tcacttctgg540
gcttcatctg gcaacatctt tatccgtagt gggtaggtt gacactagcc caatgaaatg600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt660
tcctgcctc tcatcaactg aatgaggtca gcatgtctat tcagcttcgt ttatttttca720
agaataatca cgctttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780
gct 783

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcggc caccagccct 60
acccccgctc cggccacttt ccctggacag tgccctcgca ggagtaactca caccgctcc 120
cgcccaacac ctcgcgtccc cagtcctctc ccagcctggc ggtcagagac tggcttgacg 180
cctcccagca gcccggccac caggatttct acaggtgtga tgggcagccg tccaccaaac 240
actacgtgac gagctaacgc cagcagggcg gcggggcgct gggaatctt cctccccagc 300
ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcttc gcctccccctc 360
ttcctcattc cattgcccca ggtcttttcc ttttggattt tgttttggtt ttggctttgt 420
ttttgatttt tttttattat gaatctcctg gacgcagagg tgacagtggg agctggcctg 480
ggccaggacg gcaggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggc gctgagctct 540
ctctctgttt ctcttttttt cctctactcc ttccccctca caccctcgct gctggaagga 600
acctcggtt ccctgaaagc ttgggggtcc cacccttctt accccacccg ggaggaacgc 660

```

```

ccagggcccc gggcttgttt ctctcttgtt tttctttttg ggcagttcga tcaactgacg 720
agtaaggaat gacctttaga ttgtgcgact tttgtttttg tttttttaaa tttttttaaa 780
ccaagaatga tttctcctgc ttctttctcc tcaccatctt cccagacgga gttcaaaggc 840
5 cactttctcaa gcagctttttg gcaccttcag cctcagagtg gaatctttta aagacaggac 900
ccctatgtcc aggaaagggg aaaaggaact ttgccaatga tagtgaccac agcaaaagca 960
aataataata atattaataa taataaaaga gaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaata 1020
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1386 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

cacactcact gcccatgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60
gcaagagggc tgcaccttag gttctgacct catctgcctc agtgagagcc aggtttctga 120
45 ggaacaagaa gagatgggag ggcaaagcag cgcggcccag gccacggcca gtgtgaatgc 180
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtgg gtggtggagg atgctccaaa 240
cccggtatgtc ctgctgtcac acaaagatga cgtgaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300
tttcccagag ctgcctcag aggagtgaag gggacaattt ggctgaagtc tttctctgaa 360
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcat gcaagctgtt accaaaaaat 420
50 ttttaagtat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacgat gaatttttgc ttttagtattt 540
taataagaat tacaaagaca atggcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600
gaggggaatag tattgcaggg aagactgaga aaacagtagg atgacagttt tgagtatact 660
ctgcacattt caattgtgca atcttcttgt gcactttaag gctttttaat tttgtttgag 720
55 aatgcaaatg tatactgtaa gttaccttt actatctact atgcctactt caccatctct 780
taaggactcg gcatttgtcc acagtcagac tgcaagagag ggtaggtcat gaacagtcac 840
ccgtgctggc tgtagcccc acagaggcaa tcattgcccc tagattcaag agaagctaag 900
cggaaatgga ggggtggaag tgtgatctgt gggactgtct gggcctgtta ctcatcctgc 960
tatcaatttc ttattaatta atcttgatga ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaaa 1020
60 ttcagatgag gcaagaaaat tttattggcc tgggtaagac tgaaagcatt ccaaattagg 1080
cttagactgt gcaaagggtc tagctaagtt atcgagctta aaaccggtca attaaacaaa 1140
cattatttga acagttactg catgccacgc actgtgttgg gcttagtaat aaaaaaaga 1200
aaagataagt gcttgttcta gcataaatta aaaggtccaa gggaatttaa tctggaagag 1260
aacatatgcc aatttttaaa ctatgacagc ttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320
65 cgggttcagt ccagaaaggg cacaaaatga atgaataaat aaataaatga ataaagacaa 1380
aaaaaa 1386

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

```

ccagtctgtg agcccttgtc ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacctatga aagtgaagtg aaactcagat gtctggaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatgggtc gctggttccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcattggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtg tacctttgag 300
ggagttaaca tatcagtatg tcagcttgat ggaacctggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgcaagtc cagtttcttg tgggaaacct gaaagtccag aacatggatt tgtggttggc 420
agtaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagtggtg agcctggcta tgaactagag 480
gggaacaggg aacgtgtctg ccaggagaac agacagtggg gtggaggggg ggcaatatgc 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa tttctcaatg ggaaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaacgt ggtatatccc tgcaacagag gctacagtct tgaagggcc 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggaacc tggagccacc cagtcctctc ctgcaaacca 720
aatccatgcc ctgttccctt tgtgattccc gagaatgctc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgatc agaatgtgtc catcaaattg agggaagggt tctgtctgca gggccacggc 840
atcattacct gcaacccgca cgagacgtgg acacagacaa gcgccaatg tgaaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaattgctc gaggcgta tttatcaatat 960
ggagacatga tcacctactc atgttacagt ggatacatgt tggagggttt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaac atggacatca cctcctatct gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atgggggcat ctgccaaacg ccaaatgctt gttcctgtcc agagggtctg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attcttccct gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctgcccgctt ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgctt aaatggtgga aaatgtgtaa gaccaaaccg atgtcactgt 1320
ctttcttctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaagga ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaagcagga tcatctctcc tcggtagtgc ctgggcatcc 1440
tggaacttat gcaaaagaa gccaacatgg tgctgggtct tgtttagtaa acttgttact 1500
tggggttact ttttttattt tgtgatatat tttgtattc cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gctgtattt tctatataaa aattatatta aatagatgct 1620
gctctaccct caaaaaatgt acatattctg ctgtctattg ggaaagttcc tggtagacat 1680
ttttattcag ttacttaaaa tgatttttcc attaaagtat attttgctac taaataaaaa 1740
aaaccgc

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gagggcggga gccgcggggc cggagccgcc 60
cggccgaggc gtgggggctg cggggccggc ccatccgtgg gggcgacttg agcgttgagg 120
gcgcgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240
gcagttactg cagctccagc agctgtcca gcagtccca ccacaggccc gttgccatgg 300
tgtcagcggg ggtccccgcg agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360
ctcagcctcc ctctcaacg gctccatgog gcagagagct ttgcttttac agcagttgca 420
aggactggac cagtttgcaa tgccaccagc cacgtatgac actgccggtc tcaccatgcc 480
cacagcaaca ctgggtaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540
cagctcaca cccccacaac tggccactcc aaatttgcaa cagttctttc cccaggccac 600
tcgccagtcc ttgctgggac ctctctctgt tggggtcctcc atgaaccctt cccagttcaa 660
cctttcagga cggaaccccc agaaacaggc ccggacctcc tcctctacca cccccaatcg 720
aaaggattct tctttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcagaccccc cagagggggtc 780
tgaggaaagg gcagagcccc ggatggacac accagaagac caagatttac cgccctgccc 840
agaggacatc gccaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagcctt gtgaggcgctc 900
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020
ccagacctgc tgcctgaggc cctggaagcc caagtgtctc cagcattcca gccacgggtc 1080
ctgcaggtcc aggccagggt gcagtcacag actcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140
caggtgcagc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200
ctgcaacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggcccaa ggcaggtgca gctgcagcag 1320
gaggcagagc cgctgaagca ggtgcagcca caggtgcagc cccaggcaca ttccacagcc 1380
cccagggcag gtgcagctgc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacaggt 1440
gcacacacag ggcacagcca agcttccagg cacagggagc ttcttccggg cgcggtgttc 1500
agtttcaggc caccaggggc agggcc
1526

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SFQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaatTTaa tGcttctgtt ctcagcattt cacagcatgc aggactcaaa 60
tggatacaac agaagaaaac aaccacacaat ttttgga aaa ccccttTgtcc aatgattcat 120
atTTtgatat ctattgacaa tcccttagaa ctttaaattct caaaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccgaat tgggtctgag ggcggtcacc tggagatgag aaaggcccg 240
ggggggggacc atgtgcctgt gtcccacgag cagccgagag gcggggagga cgctgctgcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgccaa gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgac ggcgggacct tggccctcat gcagagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattg gccttaacct cctgcctgat gtccagggtga acgacctccg tggcgccctg 540
gatgcccagc tccgccaggc tgcgggggga gctctgcagg tgggccacag ccggcagctt 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag ggccacgcca 660
gccactgcc tcctcgcca gcagcaggtc tgtctcagcc gcattccagc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggtttca tgtctgaggc cctcaccaag tgtgagtgc 780
agtataaaag attcactgtg gcctcgtttc cagaatgttc ttgctgtcgt tctgttgag 840
ctcttagtct gaggtcctct gacctctaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctggtgcac tcccaggctc aggtgggga gctgctgcgt 960
ctgtggtcag gcctcctgct cctgccaggg agcacgcgtg gtcttcgggt tgagctcggc 1020
cgtgcgtgga ggtgcgcatg gctgctcatg gtcccaacac aggtactgt gagagccagc 1080
atccaacccc acgcttgag tgactcagaa tgataattat tatgactgt tatcgatgct 1140
tcccacagtg tggtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaaaa

```

50

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

15 ggtattttcta aaacataaag aggagaatta agtcagctgc agaacaatgg ggctgattct 60
   tctgcttttt ctctggaaaa tctttcattg ctttttggtg aaatttacct agagggtaca 120
   accacaggat gtagcttggt ctcttatttg cctttttggg aaaccaatta agattaatac 180
   aggataaagg aaaaaagcaa tctattcatt atataacaca gttgtttgta ttacttggtc 240
20 cctgcaaagg aatctgttg aatgcttgca ttttgaattc ttttctaata gaacaaccaa 300
   aaaaggcttc ttatggtgca gcaggaaaa agatcatttt tatagctttg cattcttaac 360
   atagcattta aagagcggca tgaattagag gaaagacatg gaacacacag gtatgcggtt 420
   tgagatcatc ggcttaaaaag tatectagga tggtaatgac ccagaagtat ttccagttgt 480
   ctagtgggtg ggtagcagg aatgagaagt gttttctttc catttcctgt tggacagggtg 540
25 gcaatccttag cagagccact atttggagtt gataactaaa gatgcaaata acatgactat 600
   gccttctggt catcctagga ctatttgag tttctcaaaa ccttgtaaga ggcattgtcag 660
   gcatgcagta aaagcatcta caacttcagc tgggcaactg cagcataggt ctcatcttgg 720
   accatacagt cccactttat agaagagggt ggaagtcttc caaaacaata tccacaacaa 780
   agtctgacct cactctgagg gagatgggaa gtgggaggaa gaaggactaa ccagctccct 840
30 ggagtaagag gaatttgctt tccctgtctg ccaccaggg gctatatgtg ccacctttca 900
   ggttggggcc aaggaagtga tgtcagtggt acagaaggga gagttagacc tccagacgtc 960
   agcctccctc ccatggggtg cattttcaat ctgagtggtt ttgccttagc tgtgttggtat 1020
   ttagcttgat tggttggtcc gctggttatg aggtgtaggg aggcagtttt tgtttagttt 1080
   ttaggacttt gcctcttctt ttgtccttag cataatttct aggcagagca tccacgaagt 1140
35 cggttttcat tgccagctca agagegacaa tcattttacga gtctcctatgt tatgttaggt 1200
   gccttatgta tattatccca aatccactgc atggtttaaa tacaggcact ggaatataaa 1260
   tgaaaaaggc cattacagtc actgactttc tgcaggacct taaacatttc tctttccaca 1320
   agtttccctc taatcatgtg tcaaacctct ctctctgacg ggaatgttgt gctataatga 1380
   atctgcataa cgcttgggat tctaggagga aggaagggtc catggacatg taagtacagc 1440
40 atattccctc cagtcttcta ggagggcaga gtgaatccca gaactggtaa gattgggaat 1500
   ctgagcattg ccactttaat cttagaatat ttatcatttt gacacatcct gttttttaga 1560
   gaggaaaaaca aacacagttt ctgcattggt agtgtaaagc atacctgtgt aggaacgtgt 1620
   tttgtaagac acatttggtt tgtcattcta gagcatgtca aactttgtac ttcaaaatat 1680
   atttagtatg attgtagtg gtaacatata tcaaggcttt gaattaactg ttttatttaa 1740
45 ttttcacaag aagcacttat tttagccata ggaaaaccaa tctgagctac aaatagttct 1800
   ttaaaataag cccaggttat ttagctattc tagaaagtgc cgacttcttt caagaagcag 1860
   gcattgtagg acagctgaga attatcacat agcctaaatt ctagcctggc agcaagatc 1920
   acatctgaga tgtccaaaaa aaaaaaaaaa aaacacctga tctacattga aagggggtag 1980
   actaacgtat gtgagaccat tttcctattt gcagttacaa ggttaaagaa ctttgaagg 2040
50 cattcgctg ctaagaggca tgtcgaacac tctgtgtggc tctttcacag taaaccctcc 2100
   taagagcaga agacacatgg ctgttagtgt ctgcgtttag atttaatttc tcaataaaag 2160
   gcccttggtt gcgtatcatt tcatccagtt ataaactagg gctcctgcaa gcacccccat 2220
   tctaagggtg aattattgaa atcagttgct atttgatgag tcacaactgg ccagcagggc 2280
   agggcatttg aagtcattgt catcaaaaaa aaatgattgt tttttgaaaa gctaaatgct 2340
55 taaaatgctt ctgaggggaa gtctgtgggc gtgtgtcat tctctttaaa atcaggggtt 2400
   ttgagtttgt ttttaaacat ttttataagt tcatgagaaa aaatatataa attctaagaa 2460
   ccaacactgt attcccagaa acatgacctt cgctgggtctt ggtccacat atcattggac 2520
   tctgggggac acaaagatgc ctgtgacact ttgggtgttg cgagttagtc aacaattatt 2580
   ctgggaaaaa gcagaattga attcttctct agatgtccta ccagggttgg ccaaggcca 2640
60 caaagcaggc taataaattc ccacaggatc cagacaccag gcaaaattgc tctaagaagc 2700
   cagttactgt catccctcta tggttctaga aaaaatagta caaaaatgac aggtcatcct 2760
   atgagcgtca tgccaatgaa accccatctt ctggagaagc ccttgaatca gaattatctt 2820
   ttttcttgat gtctgcagat gcagccagtt tcttaatttt tttaaaaact gtatgtttct 2880
65 gtggtatgta tatttgtaca cctaactacc tggcacttgg aaatcacagc actactcaga 2940

```



# DE 198 18 620 A 1

```

ggcaattgaa taaagagaaa ttttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctcaaa3000
cttctgattt tatcaaaggt ttgccagcca ataaagtga tcccaagtat acaggggaga3050
aagctagact cctacagggg cctagagttt aagtaatttt tttgttatta atataggtaa3120
taatttttct aatttttatt ttttggttcc aaatgtaaag ctcttctgtg ttacctctgt3180
ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaaat tatgtgtgct ctgtgacagg tgaaatgtaa3240
atctgggata catagtcaag atatcataag gacctacttc ccagcctacc tttcttcctc3300
tacctgataa tgataaact caaaataaca acattcaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360
tttcacatct cctatttctt gggctcctta ataactactg atggtttgtt catgaaaaaa3420
aattttttaa tcaaaagatt gtacttggtc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480
tttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaa attcacattc taagaataaa cagaaaaatg3540
ttcttcttgg aagtaaataa caaaagccat agtgttttca tttgtctttt cttcaggata3600
cacggtagaa gtcagagaat ctttgatact tttatttggg gcaataatca aggccatgca3660
acaacccaaa atcaagcatt ttggttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720
tggcagtcac tcaataaatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagtta acgtattaag3780
tttctactat atgcaggaac tgtgttaaat attttacata agttttgata atagctaaca3840
ttagctgagc acaaaatttg ggcctgatt tgtgctgagt atctttcaca gattactgct3900
ttaaatcagc agtccttgtg agctaggtat gatcattatc cccatttata gattacgat3960
gagattcg                                     3968

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

gtaatgggaa atttggtgtg ctgaatcttc ttcctaggat attgatatat tccacgcttc 60
tagtgggtat tctgggaatt ttaccctgct cagtatttgc cctagggtac tagaaagagg120
agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctctgttaga agtggaaatg tcatacagga180
tagcaaacac tcttggttcc tttttgcccc ggcttgcccc gagccggcaa cagcaacaaa240
atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgctatatt gatgacgaag300
atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcatca360
agaagaataa ggccaaggag aacaagaata aaaaagtga acctcgctac agtgggtccag420
cacctcctcc caacagattt aatatctggc ctggatatcg ctgggacgga gtggacagat480
ccaatggatt tgaacagaag cgctttgccag ggcttgccag caagaaggca gtggagggaac540
ttgcctacaa atggagtgtt gaggatattg aactttcctg aggcctgtggg ggtggctggg600
ctgtggtagt gggcataggc agcgagatat ccagtggtaa cagtgtctg tgctaataat660
tggagcccac acagaccagc aacttggtga atgccagttt tgaccacaga agaataatcg720
agacctgatg tttggattga ggtacctgta cttcttgggg tgttgacagc agcgtgtgtt780
ggtgggtttt_cagaggaa                                     798

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1068 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

ccccctctctg tgactcagtc tctgagcgtt ttaatacgat ggtgtcccg cgggatcaaa 60
cttcagcgtc acagctgagg actggcttcg tgggtccctga tgggagagca tgaacagggtg 120
gtatgtgaag cccttgagga ccagctcttc caaagtcaaa gccaaagacca ttgtgatgat 180
tcccgaactcc cagaagctcc tgcgatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240
ccagaccaag gctttcgagt tcctgaacca ctcaagtacc atgttgagga aggagagctg 300
cttgagcagaa atcaagattc agcagcttga agagggtgctg agccccacag gccgccaggg 360
agagaaggag gagcacaagt ggggcatgga gcagggcccg caggagctgt atggggccct 420
gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac agtgaggaga tgcagcgggc 480
ccgcaccact cgctgcctgc agctgctggc ccaggagatc cgggacagca agaagttcct 540
gtgggaggag ctggaactgg tgcgggagga ggtgacctc atctatcaga agctccaagc 600
gcaggaggat gagatctcag agaacttggg gaacattcag aaaatgcaga aaacgcagg 660
gaaatgccgc aaaatcctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacag ccgcctgtcc 720
ggagactgaa gagataccgc aggagccagt ggctgctgga aggatgacct ccagaaggaa 780
ctgagtgata tatggtctgc tgtgcacgtg ctgcagaact ccatagacag cctcactttg 840
tgctcggggg cctgtcccaa ggcctcgagc ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900
agccctccac tcccctcctg ggactctgac tccgactctg accaggacct ctcccagcca 960
cctttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgcttgag cagccgggac tgcctcctcct 1020
gaagaccct ccagagagaa aataaactag cccagaccct cctctaaa 1068

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

```

ctcgagccgc tcgagccgcg gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaatggt 60
tttgcattgg actttgagtt aagattatct tttaaatcct gaggactagc attaatgtac 120
agctgaccca ggtgctacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180
ggattccagg aaccagtgtt tgatgaagct agggcttggg gcaagagggc aagcagcagt 240
tggtggtgaa gataggaaaa gagtccagga gccagtgcga tttggtgaag gaagctagga 300
agaagggaag agcgtacacg atttggtggt gaaaagagga attgggagtg gtaggatgaa 360
acaatttggg gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactgga agacagaagt acgggaaggc 420
gaagaaaaag atagagaaga tagggaaatt aqaaqataaa aacatacttt taggaagaaa 480
aagataaatt taacactgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540
aagctaaggc caaaatgtac aaacttagaa gaaaattgga agatagaaac aagatagaaa 600
atgaaaaatc tgtcaagagt ttcagataga aaatgaaaaa caagctaaga caagtattgg 660
agaagtaacg aagcaatgaa aatataaagc caaaaattgg ataaaatagc actgaaaaaa 720
tgaggaaatt attggttaac aatttatctt aaaagcccat caatttaatt tctggtggtg 780
cagaagttag aaggtaaaag ttgagaagat gagggtgttt acgtagacca gaaccaattt 840
agaagaaac ttgaagctag aagggggaag tggttaaaaa tcacatcaa aagctactaa 900
aaggactggt ttaattttaa aaaaactaag gcagaaggct tttggaagag ttagaagaat 960
ttggaagccc ttaaatatag tagcttagtt tgaaaaatgt gaaggacttt cgtaacggaa1020
gtaattcaag atcaagagta attaccaact taatgttttt gcattggact ttgagttaag1080
attattcttt aaatctctgag gactagcatt aattgacagc tgacccaggt gctacacagaa1140
agtggattca gtgaatctag gaagacagca gcagacagga ttccaggaa cagtgtttga1200
tgaagctagg actgaggagc aagcgagcaa gcagcagttc gtggtgaaga taggaaaaagaa1260
gtccaggagc cagtgcgatt tgggtgaagga agctaggaag aagggaaggag cgctaacgat1320
ttggtggtga agctaggaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcaattt ggtgatgaag1380
gtagcaagcc qcltqgcttg gcaaccacac ggaggaggcg agcaggcggt gtgcttagag1440
gatccagaca cagcatgccg gtgtgccaa gcccacagga aagcagtggt ttggtaaaaa1500
tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttct ggaacttact tatggttaac ttttatttat1560
tttctaatal aatggcgggag tttcgtactg aggtgtaaag ggatttatat ggggacgtag1620
gccgatttcc ggggtctgtg gggtttctct tttcaggctt atactcatga atcttgtctg1680
aagcttttga yggcagactg ccaagtctcg gagaaatagt agatggcaag tttgtgggtt1740
ttttttttt acacgaattt gaggaaaaac aaatgaattt gatagccaaa ttgagacaat1800
ttcagcaaat ctgtaagcag tttgtatggt tagttggggt aatgaagtat ttcagttttg1860
tgaatagatg acctgttttt acttcctcac cctgaattcg ttttgtaaat gtagagttag1920
gatgtgtaac tgaagcgggg gggagttttc agtatttttt tttgtggggg tgggggcaaa1980
atatgttttc agttcttttt cccttaggtc tgtctagaat cctaaaggca aatgactcaa2040
ggtgtaacag aaaaacaaga aatccaatat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100
tttatagaaa ctagagcagt tctcacgttg aggtctgttg aagagatgtc cattggagaa2160
atggctggtg gttactcttt tttccccca ccccttaat cagactttaa aagtgtttaa2220
cccttaaac ttgttatttt ttacttgaag cattttggga tggctttaac agggaagaga2280
gagggtgggg gagaaatgt ttttttctaa gattttccac agatgctata gtactattga2340
caaactgggt tagagaagga gtgtaccgct gtgctgttgg cacgaacacc ttcagggact2400
ggagctgctt ttatccttgg aagagtattc ccagttgaag ctgaaaagta cagcacagt2460
cagcttgggt tcatattcag tcatctcagg agaacttga aagagcttga gtaggccaaa2520
tggtgaagtt aagttttcca ataattgtac ttcttaaaag ttttattaaa ggggaggggc2580
aaatattggc aatttagttg cagtggcctg ttacggttgg gatttggtgg gtgggttttag2640
gtaattgttt agtttatgat tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gtcttagaat2700
ggaaaaagta aagaatatc aacttccaag ttggcaagta actcccaatg atttagtttt2760
tttcccccca gtttgtaattg ggaagctggg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820
agtgcattaa tttgggcaag gaaagtgtca taatttgata ctgtatctgt tttccttcaa2880

```

```

    agtatagagc ttttggggaa ggaaagtatt gaactggggg ttggctctgc ctactgggct2940
    gacattaact acaattatgg gaaatgcaaa agttgtttgg atactgtagt gtgtgggtct3000
    cttttggaat ttttttcagg tgattttaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060
5   gcaaaggaag tggcttaatg atcctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120
    caaacttttt tcagataaca tcttctgagt cataaccagc ctggcagtat gatggcctag3180
    atgcagagaa aacagctcct tgggtgaattg ataagtaaaag gcagaaaaaga ttatatgtca3240
    tacctccatt ggggaataag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300
    gcatatgccca aaaaatttta agcaaataaa agctaccaat ttaaagtac ggaatctacc3360
10  attttaaaag taattgcttg tcaagctata accacaaaaa taatgaattg atgagaaata3420
    caatgaagag gcaatgtcca tctcaaaata ctgcttttac aaaagcagaa taaaagcgaa3480
    aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540
    gatgagttgg gatcaagtggt attgaggagg ctgtgctgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600
    cagacaggta tctcttcggt atcagaagag ttgcttcatt tcatctggga gcagaaaaca3660
15  gcaggcagct gttaacagat aagtttaact tgcactctga gtattgcatg ttagggataa3720
    gtgcttattt ttaagagctg tggagttcct aaatatcaac catggcactt tctcctgacc3780
    ccttccctag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagecctttt aaaattgtag3840
    gacttgttcc tgtgggcttc agtgatggga tagtacactt cactcagagg catttgcac3900
    tttaaataat ttcttaaaag cctctaaagt gatcagtgcc ttgatgccaa ctaaggaaat3960
20  ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta tgaaaggaat agcatgatgt gctgttagaa4020
    tcagatgtta ctgctaaaaa ttacatgttg tgatgtaaat tgtgtagaaa accattaaat4080
    cattcaaaat aataaactat ttttattaga gaatgtatac ttttagaaaag ctgtctcctt4140
    atttaaataa aatagtgttt gtctgtagtt cagtgttggg gcaatcttgg gggggattct4200
    tctctaactt ttcagaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260
25  agcggaagaa cgaatgtaac ttttaaggcag gaaagacaaa ttttattcct cataaagtga4320
    tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaataa4380
    cctcttagac aggtgggaga ttatgatcag agtaaaaggt aattacacat tttatttcca4440
    gaaagtcagg ggtctataaa ttgacagtga ttagagtaat actttttcac atttccaaag4500
    tttgcatgtt aacttttaaa gcttacaatc ttagagtgtt aggcaatgtt ttacactatt4560
30  gaccttatat agggaaaaaga tgag                                     4584

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 982 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

    gtggagggga cctgtgtggt agcagcagct atcgagcgt cggtgttca gagcagcaga 60
    agccggcgct gtcggatgtt gtgttgcccg ccaccatgag ctacacaggc tttgtccagg120
    gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cggataccag cgctcagccc acctgtgatt180

```

# DE 198 18 620 A 1

atggatatgg	aacttgaac	tctgggacaa	atagaggcta	cgagggtat	ggctatggct	240	
atggctatgg	ccaggataac	accaccaact	atggglatgg	catggccact	tcacactcrt	300	
gggaaatgcc	tagctctgac	acaaatgcaa	acactagtgc	ctcgggtagc	gccagtgccg	360	
attccgtttt	atccagaatt	aaccagcgct	tagatatggt	gccgcatttg	gagacagaca	420	5
tgatgcaagg	aggcgtgtac	ggctcaggtg	gagaaaggta	tgactcttat	gagtcctgcg	480	
actcgagggc	cgtcctgagt	gagcgcgacc	tgtaccggtc	aggctatgac	tacagcgagc	540	
ttgagcctga	gatggaatg	gcctatgagg	gccaatacga	tgccataccg	gaccagtccc	600	
gcatgcgtgg	caacgacacc	ttcgggtcca	gggcacaggg	ctgggcccg	gatgcccga	660	
gcggccggcc	aatggccgca	ggctatgggc	gcatgtggga	agaccccatg	ggggcccg	720	10
gccagtgc	gtctggtgcc	tctcggcttg	ccctccctct	tctcccagaa	catcatcccc	780	
gagtacggca	tgttccaggg	gcatgcgagg	ttggggcgcc	ttcccggg	gcttcccgtt	840	
ttggttttcg	ggtttgcaa	tggcatgaag	cagatgagg	cggactggga	agacggggac	900	
cacagccgat	ttgcgaacca	agaagaagaa	gagaaagcag	ggcggcattc	tgattgagcc	960	
agttagcaaa	gcagccggaa	tt			982		15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 742 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

ctcaacttcg	cacgactgcg	tgctcaagc	cgacgcagcg	gcctactctc	gcactgcaga	60	
cggggaaact	gaggcccgag	gcggccgggg	tggggcagac	ctcccggcga	gcccgaagcc	120	
ccgcccccg	ctagccccgc	cctggcccgt	aagaagcacc	cggggcgcca	ggcgaaggcg	180	
cacagcgcg	ggccaggctg	ggtccagcag	cgcatggca	gctcagcggc	tgggcaagcg	240	
cgtgctgagc	aagctgcagt	ctccatcgcg	ggcccgcggg	ccagggggca	gtcccggggg	300	
gctgcagaag	cggcacgcgc	gcgtcaccgt	caagtatgac	cggcggggag	tgacgcggcg	360	
gctggacgtg	gagaagtgg	tcgacgggcg	cctggaggag	ctgtaccgcg	gcatggaggc	420	
agacatgccc	gatgagatca	acattgatga	attgttggag	ttagagagtg	aagaggagag	480	
aagccggaaa	atccagggac	tcctgaagtc	atgtgggaaa	cctgtcgagg	acttcatcca	540	
ggagctgctg	gcaaagcttc	aaggcctcca	caggcagccc	ggcctccgcc	agccaagccc	600	
ctcccacgac	ggcagcctca	gccccctcca	ggaccgggcc	cggactgctc	adccctgacc	660	
ctcttgact	ctccctgccc	cccggacgcg	gcccagcttg	cttgtgtata	agttgtattt	720	
aatggttctg	taacaataaa	aa			742		60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2330 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcatagggt tcctcaacca 60
   cctttcctca cctttcctaa aatgggatct acattggctc ttcacacca aatagcagac 120
   taatcggttt tctgcttagc accgtctggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
   aagaaaaatt tctcgatgaa gaacctcaat ctttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
   tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccattcaa gatggtcttt ccttcaaagc 300
   aggtctgaag agggagactac caaagcagtg tttacaaacc cagagtccac acaaccatat 360
   tgcatagaac agcacttggc tttcacaagc ctctacagg acctggtgta attggagtga 420
   aagggcagag accttggaag tggaggtggc tgtgtgctgc gatgggaaga aggcagaagg 480
   cccaggggct ttggacatag agcaggggtg aagctgcaag tactgggaag gaagagagtt 540
   tcacagaaac aagctllgt cacacagaaa tgagttctgt ctactggtg acttcatccc 600
   tcaggtcca cctgagcaga gattttaatc agcttctta atgggtattg acactgetca 660
   ggaagcagla gacctgtca gggacagcta ttgatctttt gtgttctgat tagattggaa 720
   aatagatcaa ctctattgta gtccaggaac tgttggtcac agctactagg aatgaggtga 780
   tttctgaagg ctgagaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtgaa 840
   agatgcattc acttctcctt tgagagttgg ggttgagggc aaacatagaa cccaggtttg 900
   gcttacaacc cagtgtcccg gaagccctcc ttcgggagaa ctgtaagtaa gaggtgggtg 960
   tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
   ggggataact cttggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gcccagagct1080
   tttaaaatga cgtctggcat atacttgatt acaaataaaa actcagaaac caattttatt1140
   tattaaatca tatcttttgt ttttccccct cccttctaact ccccaaaagg acctatttga1200
   gctgttccr aattcatctg cttatttttg accatgaatc tgccagagtg atattttctg1260
   ttatttctcc tccaaatttt tccctgatgt ttccaataaa gatttacttg ggtggcccc1320
   taagtgaca tcaggatgct cttatgtcct tccagaataa gcatacactt cactcctctc1380
   cctttcatct ccctctgcat tcttaattcc ttgcttttct cacttgagc cgagggtgct1440
   ttagagaggt cgttttccat gaatcagcca agattcctgt agaagttggg tatacctatt1500
   ccagtttcaa agctcctcg ctatgctaact gtccctcag agatgaggtt tgacttttag1560
   gccggtatga ctctccata gcctggccaa ggagaccatg agtagccatg tctggtttac1620
   tctttatcct cagactgtt gtttatagct taaaacagaa gtgtgtcttc ccagcacaaa1680
   cctaataaat cagtgtatca gtgcattctg tggcaacagc tcagcccatt caaagagcaa1740
   ggattcagga aaggcacact gatggtgggg agcctcttaa gacctctaa tgttctccca1800
   aaaccagagt tgagagtcgg agtgccagtc gtcggggccc actattcctg aataagggacl860
   atgcaagggc cagaagtagc ttgactctcg cctaaatata tgtgcctttg cctgtccttt1920
   ctcccactct actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgcc ttctgatgaa gagaggttag1980
   gtaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtggggtg ggagagggtt2040
   ctgagaggag gcagcaatcc agaataacct cttttctagc cagcatccct tgaacttttg2100

```

# DE 198 18 620 A 1

aaaggttgtg cctaccactg gctggcacac cagggcaatg atttccctgc agaaggaagg2160  
aaagaatgtt ttcacccttg catccttctt gggagagct accagcctgt tgcctcagtt2220  
tgagttgggt tcacattcag gattttgggg ttttatgggt tttccttccct ccctgtgttt2280  
tgccccgaac gttgatcaac aggggtgaaa aagggccacc tgagggtttc 2330

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcatttccgt ggatgtctgg cacatcctgg aattcgacta 60  
tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag ggggatgcct atgtggtcaa 120  
gtggaagttc atggtgagca cggcagtggg aagtcgccag aaggagagac actcggtag 180  
ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa ggccggcact ccaccgtgag 240  
tgagaagggc acgtcggcgc tgatgacggg ggagctggac gaggaaaggg gggcccaggt 300  
ccaggttctc cagggaaagg agccccctg tttcctgcag tgtttccagg gggggatggg 360  
ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaagttagt ggcggctgta 420  
ctgctgctgc ggagagggtc ccgtggaagg gaatttgctg gaagtggcct gtcactgtag 480  
cagctgaggg tccagaactt ccattggtgt gcttaacgtc aacaaggccc tcatctacct 540  
gtggcacgga tgcaaaagccc aggccacac gaaggaggtc ggaaggaccg ctgcgaacaa 600  
gatcaaggaa caatgtcccc tggaagcagg actgcatagt agcagcaaag tcacaatata 660  
cgagtgtgat gaaggctccg agccactcgg attctgggat gccttaggaa ggagagacag 720  
gaaagcctac gattgcatgc ttcaagatcc tggaaagttt aacttcgcgc ccgcctgtt 780  
cctctcagc agctcctctg gggattttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccagac 840  
cccctctgtg gtcagtcca tgcccttccg gcaggaagat ctgtacagcg cgccccagcc 900  
agcacttttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtacctc tggcaaggct ggtggcccat 960  
cgagaacaag atcactgggt ccgcccgcac ccgctgggcc tccgaccgga agagtgcgat1020  
ggagactgtg ctccagtact gcaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta1080  
ccttatccac gctggtctgg agccccgac attcaccaat atgtttccca gctgggagcal140  
cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacggaa gtttccaatc agatcacctt1200  
cgtggaagac gtcttagcca agctctgtaa aaccatttac ccgctggccg acctcctggc1260  
caggccactc ccggaggggg cgtacctctg aagcttgaga tctatctcac cgacgaagac1320  
ttcgagtttg cactagacat gacgagggat gaatacaacg ccctgcccgc ctggaagcag1380  
gtgaacctga agaaagcaaa aggcctgttc tgagtgggga gacgccagag gagcctcacg1440  
gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggg aaatggatat atatttttgg actggtgttt1500  
ttcacaaagt atttttcaat cagagttttc agaacctgac attgttaaag atactgctt1560  
tccccgaggt gtgtattttg taaatgttca agggaactgt ttggaactt ctttccacca1620

40

45

50

55

60

65

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgtctgt gcacttaagc cgtagctget1680  
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct ttlttctttc tttgaagcag1740  
 ttctctttat aaagtgttat tttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800  
 5 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gatttggggg gttgtttttt1860

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

cctttcctca tctctattaa attgtaaaca ggactactgc atgtactctc tttgaggtga 60  
 atttgggaatg gaaggccagg gactatactc tttttaaaat agacatttgt ggggctcaca120  
 caatatatga aatagtaccc tctaaaaaag agaaaaaaaa aatcaggcgg tcaaacttag180  
 agcaacattg tcttattaaa gcatagttta tttcactaga aaaaatttaa tatcaaggac240  
 tattacatac ttcattacta ggaagttctt tttaaaatga cacttaaaac aatcactgaa300  
 aacttgatcc acatcacacc ctgtttattt tctttaaaca tcttgggaagc ctaagcttct360  
 gagaatcatg tggcaagtgt gatgggcagt aaaataccag agaagatgtt tagtagcaat420  
 45 taaaggctgt ttgcaccttt aaggaccagc tgggctgtag tgattcctgg ggccagagtg480  
 gcattatgtt ttacaaaaat aatgacatat gtcacatgtt tgcattgttg tttgcttgtt540  
 gaatttttga acagccagtt gaccaatcat agaaagtatt actttctttc atatggtttt600  
 tggttcactg gcttaagagg tttctcagaa tatctatggc cacagcagca taccagttt660  
 50 ccattcctaag agggaaatgga aattaatttt gtaacctact gattaacaga atctgggggt720  
 cacattggaa aaaaattctt ttatccgtct ttttaaggata tgtttaaata ttattttatg780  
 tgtcggcata ttgcggacag tctgaga 807

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1932 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung



hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

```

ccgggggtttt gggctggaac tgcagcgctt agagagctcg gtggaagctg ctaaaggcgg 60
aggcggggct ctggcgagtt ctcttccac cttcccccac ctttctctgc caaccgctgt 120
ttcagccctt agctggattc cagccattgc tgcagctgct ccacagccct tttcaggacc 180
caaacaaccg cagccgctgt tcccaggatg gtgatccgtg tatatattgc atcttctctt 240
ggctctacag cgattaagaa gaaacaacaa gatgtgcttg gtttcctaga agccaacaaa 300
ataggatttg aagaaaaaga taillcaycc aatgaagaga atcggaagtg gatgagagaa 360
aatgtacctg aaaatagtcg accagccaca ggttacccc tgccacctca gattttcaat 420
gaaagccagt atcgcgggga ctatgatgcc ttctttgaag ccagagaaaa taatgcagtg 480
tatgccttct taggcttgac agccccacct gggtcaaagg aagcagaagt gcaagcaaa 540
cagcaagcat gaaccttaag cactgtgctt taagcatcct gaaaaatgag tctccattgc 600
ttttataaaa tagcagaatt agctttgctt caaaagaaat aggcctaatt ttgaaataat 660
agattagtgt gggttttcaca tgcaaacatt caaaatgaat acaaaattaa aatttgaaca 720
ttatggtgat tatggtgagg agaatgggat attaacataa aattatatta ataagtagat 780
atcgtagaaa tagtggtgtt acctgccaa ccatcctgta tacaccaatg attttcaaaa 840
gaaaaacccc ttccctcctt ctgccattac tatggcaact taagtgtatc tgcagctcta 900
cattaaaaag gagaaagaga aataacctgt ctctcattcc taagttgcct cattaatttt 960
catgaacaag aatatgtacc tttttgatgc tatattactg cgattaaaaa gttcttgcag1020
gtaatgttta tgatatgtta aacgttgtaa tttcttatcg taattataac attcccattc1080
ttttgtagat gaaacttcta catattgaac cacagatttt ctgagcttct aaatgtagcc1140
tttcattgca catttcagt atcagaatag atatcctttt acacgcacaa aagcaataga1200
ttcattcagt ggacaagttc cttgtttaac tacacagcta tgatggaatg atatatcca1260
gttccttgcc tcagtgaat atgcatatgt atatcatgaa agtgggatgc caagtaagct1320
taaaatggca ttctctagca aagagattag actttttaa aactcttata aaacaggttg1380
gcatcattt cccaagattg gtttcccttg agtttttgct aaaacaaatc ttagtagttt1440
tgcccgttta aaacaactca caatcgtaaa tgctactatt cctaagatat cttacctttt1500
tatttcagtt tagccatgta ttgtatgagt gtattagtct aagcagtgag aatcttttct1560
atgcctctat tccagcaaaa agtagaagta tcaaataaaa agggcaactt ttaaaatatt1620
aagcctgaag acttctaaaa agacaagaaa catggcctaa ataaccaaca tagatttaca1680
tagtaagttt cacactacct tattaccaaa agcaaacacc tcttacttta aactacatta1740
tcattgtatat ctattgtatg ctggtcttta ctttttgcca aaatcaacat ataatgaaga1800
gatgcctttg tttcatgaga ttcaaaacttg atgctatgct ttaaaataaa ctgactactt1860
ttagaacat aaaaaaaaaa aaaaaaggc gacccccga gtagtgggcc cgcgcccggg1920
gatttttccg gg 1932

```

20

25

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttctc tgttggttcta tttttttggt 60
ccagtttgct gtttttaaaag ttttgagtc cagctggctc tgtacattta actgaaaaaa 120
aagtaactta aaataatata aaaatagcac tcatgtatgt cctacagtta taggtgaaat 180
ttgatattgt ttgtcttaca tagcatacct atagacagct taagtaaagt gactgttaag 240
agggttatgc ttattgatga actcttgtag ttgtttacca gctctgttag tatagttaaa 300
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atgggtgaag tccaaataca tgtgataatt 360
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagtgt aaatgcattt tatttaccga 420
aggagtatgt taaaatgata gttataaatg ttggaagtgt aaagcaagat actcagttta 480
gttctttaca aatcataaga agaacaaaat tagatgttga cattgctatt ttaggctgtg 540
tgttttccat atgcttcttg ctttccctgt cacaggtggt ggcagcaata ttggtgtgat 600
tgaqgttatg ctggcaccac tgcgacacag gcgcacaatg gtgttagctg ggcagaaaga 660
gtggcatctc tggctaccgg gctgggggcg acctttacca taggatgaag taaccttgca 720
ttcggctgca aggtgtactg tacgtacaca ggtgctggtc gatgtccact ttctgctttt 780
ctttctttct tttttctttt tttaaagtta tttccccac agtaaaatag actgactcct 840
gagtaaattg attttccagt tttatggaat tgggagctctg acaagtgaag ccaatttaat 900
gtaaagtatt ttgctttcaa atggtttctc ttgctatttt tttggaattc tttcagattc 960
cagagatatc ttacgtcttt gattcaattt aaaatttgta cttattttct tttagaaata1020
atgtattgtg tctgtgcaga aaaaaaaaaa ccaaaaagga ttgctttact ccaagaggag1080
agattgtctt aggataaacc tccaagctca catttaatat aacagactga agtaaacatt1140
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tctttagaat ctaaaattgt1200
atatgaactt attcttaaat aattgaaccg ttttatattc aaatgactta tgatcgtgg1260
tagtttgga aaaaataagt ggttaaattt tgatttattg aaatgtaatt gtattatttt1320
cataaaatag cattttcatt ttgtaatgtg gtttaacatc cttgttggtt gccaaaagaa1380
tttcatttgg ctgtgaatat tctatttgct tgcagtatct gtttctcttc ctaggctcaa1440
gttggtgacc caagcctatt gtaaacaaat gattatctca aaggagatg ccaatggagt1500
aacaatttgt taaccttacg ttttctgtct gtatattttt ttaaaaatct ggtagtttct1560
ggaaaaaaaa gagaaggggg tttgtagtac ttaaccctat ttatttccgt atattttagt1620
taattagttt ttggaataaa tggatttcag tatagctttg tgggttaaatt gcattgcctt1680
tattttatgt ttaggcttat ttttaaatta acatttaaca gaaacatttg aaatagaatt1740
tgcattgtct ccttaattaa cttaaagact gattttaatc tgactatgac actgagcata1800
ttctttaaat tactcataat ttataatgct taatataatc ttaattaaat ttagcagttt1860
tagtataaga tgtgccattt tgtcctctgt atgtctgaat gaagctataa catttgcctt1920
tttattgcag gtttcccttt ggaatatgga taaatacacc atgatacggg aactagaagg1980
acatcaccat gatgtgtag cttgtgactt ttctcctgat ggagcattac tggctactgc2040
atcttatgat actcagatgt atctctggga tccacataat ggagacattc tgatggaatt2100
tgggcacctg tttccccac ctactccaat atttgctgga ggagcaaatg accggtgggt2160
acgatctgta tcttttagcc atgatggact gcatgttgca agccttgctg atgataaaat2220
ggtgagggtc tggagaattg atgaggatta tccagtgcaa gttgcacctt tgagcaatgg2280
tctttgctgt gccttctcta ctgatggcag ttgttttagct gctgggacac atgacggaag2340
tgtgtatttt tgggccactc cacggcagggt cctagcctg caacatttat gtcgcatgtc2400
aatccgaaga gtgatgcccc cccaagaagt tcaggagctg ccgattcctt ccaagctttt2460
ggagtttctc tcgtatcgta tttagaagat tctgccttcc ctatgtagtag ggactgacag2520
aatacactta acacaaacct caagctttac tgacttcaat tatctgtttt taaagacgta2580
gaagatttat ttaattttgat atgttcttgt actgcatttt gatcagttga gcttttaaaa2640

```

# DE 198 18 620 A 1

tattattttat agacaataga agtattttctg aacatatcaa atataaatTT ttttaaat2700  
ctaactgtga aaacatacat acctgtacat alltagatTT agctgtctat atgttgaat2760  
gacccttttg cttttctgat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820  
aatatgtatc tttgtgttaa agtgcaagga aatttttaaat tctgggacac tgaggttagat2880  
ggtaaatact gacttacgaa agttgaattg ggtgaggcgg gcaaatcacc tgaggtcagc2940  
agtttgagac tagcctggca aacatgatga aaccctgtct ctactaaaaa taaaaaagaa3000  
aaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctgcacgggc gcagatgtag gcaccgggtcc gagtgccctgc cctctgtccc cgcggctggg 60  
tctcgtctgc tccggttcct gggtcctctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120  
gtctgttggt cccagcgctc tgcgaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180  
gcaggacagg aaaaggaggg gaaatctcga catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240  
aatggcttca aaccaaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300  
agaagtaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360  
gggcaaaaca ggagatgagg aaatgtttaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420  
ggcaaaagaa ggaagtgcag agagggaggg agagtcagag atggaggagg tgcagagaga480  
gggaacccga ggtaggggaa gcgga 505

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

PPLLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60  
HGILCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRRPL RLPMATCYSA60  
DQRTSPGTV ALVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

QVAMGSLSGI RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRTYNR 60  
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPETV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTUVGCIF120  
MVIEGKKAQ RHETLTSNL EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:	
	20
GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPRFFLSK NWP	53
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:	
	25
(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:	
	45
LFILRWRSLS VSHFSFVLKQ EPTGPKELLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN	52
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:	
	50
(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	65
:	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

KKKPRFLVLL NSSLGPVWSC FKTKLKWLTQ KLLHLRMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAF RKAASRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60  
YYKMTRVKLQ GGVHIKETK EEVTPEQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS60  
TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LEWGYFFLSL LNNMYSTLEF NPSHEVVEFI WIFFKSLLPK SFEVELFFTV VTASLSVFPL60  
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

20

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

EANNYMSCQG GSREHSFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPGK60  
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

65

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLI SMFESKMKLD KVDHQLHRVF CKSIYSKWPR60  
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGKQK ICIFLKSGLH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIEIKV SNPTPGYQVK 60  
TASLLLGQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVLNIQFWIQ EIIIVNFPFK120  
SMERMLVENI LKI 133

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGGTT QKQELKTSR HQGQLNEDKL KGKLRSLNQ LYTCTQKYSR WGMKKVLLEM 60  
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQRLALAE QKCEEWSQY EALKEDWRTL120  
55 GTQHRELESQ LHVLSQSKLQ SR 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 60 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 65 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:	
VPAICSPAVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60 LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGSIS GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:	
(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:	
SCRPWVPHLQ RSLSPKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60 LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCQG QGSLCAL 97	40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	
(A) LÄNGE: 783 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:	
	65

5 FLLQPSAFHL YEPPLDYMT WRMGPRFTML LAMWLVCGSE PHPHATIRGS HGGRAVPHVS 60  
 PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVTY LRLARPIEPP ARSDINGAAV120  
 RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRMLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180  
 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVR ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240  
 MSFLKLEK GK FGMVLLKKT L QVEERYPPV RLEAMYEV ID QGPIRRIE KI RQKGFVQKCK300  
 ASGVEGQVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRRAQVPP TRESRVKVL R KLAATAPALP360  
 QPPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRAVTVA ARPMTTTAFP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420  
 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPQTTRR PSKATSLESE TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480  
 10 FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540  
 ELQVGNVPLK KAKESKKHEK LEKPEKEKKK KMKENADKL LKSEKQMKKS EKSKSQEKEK600  
 SKKKKGGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKS V ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMVYQQR660  
 DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDEDL VDQRLISELR720  
 KEYGMTYND F FMVLTDVDLR VKQYYEVPIT MKSVFDLIDT FQSR IKDMEN QKRGVFEFGG780  
 15 KTP 783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMOVGVWVFL RWERMENLF QNGFAAEVR MCSCIDLQTP RRWVHTACLG VPRDSRPPTY60  
 LSEARAAGHG PSAKPVCDA L GALVQEA 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVR RPSHRW SWPPPALSSL60  
 PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGT SFIYF IMLANRT 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHILTS60  
AANPFPPWKRF SHILSHLKKT HTPPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSKDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRL ALKHQGHRTQ AWQRGHGQRH ELQTSMLEVS 60  
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNTSLPLQR THFPGKDFHT SSPTSKKPTH PQPFFKAPR 119

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60  
SLEKIFTHPL PPQKNPHTN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLPSA RNSNIMNARD SVLSKVFHHPK60  
GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60  
PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

20

HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

25

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

45

SAGIPKLAPK IPLPFSOLLK CYLISGAFPD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLTIVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLLIY GG

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		5
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		10
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:		
VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYP ISLLLNIFYT YL	52	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:		
(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren		20
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		30
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		35
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:		
TGTFCEFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP 59		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:		
(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren		45
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		60
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:		
LSLCPWPNGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR	38	65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHG HK LNYYLNKLHF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

5

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELGVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60  
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYVQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120  
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180  
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRPGGARRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60  
QTCRHGDRGL WTWAAHFWRE LRSGTARKSI KSQNSVEVS 99

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60  
CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMKC HLISGHKDRI LGFDFSSSS120

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

TSTGPSSPLV ASAATELA AF AAFSSACMR PEGSASLEFN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60  
MRILQASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQGRG TFRAHTCRAG GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT60  
SAGLALYLHT RTAASRGTSF SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPSEGRH AELKAAAKAA60  
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFVLEAHP 60  
DNACSPIAPP PPAPVNGSVF IALLRRFDCN FDLKVLNAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120  
WNSEEIQQOI WIPSVFIFER SSEYLRAFV YEKGARVLLV PDNTEPLGY LIPFTGIVGL180  
LVLAMGAVMI ARCIQHRKRL QRNRLTKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240  
RVLPCAAYH SRCVDPWLTQ TRKTCPIKQ PVHRGPGDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300  
ASERTPLLGS SPTLPTSFGS LAPAPLVFPG PSTDPPLSPP SSPVILV 347

30

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELEKKEK RLAQIREKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQESDLEKK 60  
RREAEALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120  
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKED EEDDDVVAPK PPIEPPEEKT LKKDEENDSK180  
APPHELTEEE KQILHSEEF LSFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240  
AKLSLNRQFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYN NN EDAPHEPDGV ALVWNMXYKK300  
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVG GT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAH360  
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWSL DMLSHQDSM ELVHKQSKAV AVTSMSFPVG420

60

65

# DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFITGI HCHAAVGAVD FSHLFVTSSF480  
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPLLFAC VGGMGRDLW NLNNDTEVPT54C  
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L

41

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCISI VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLSS SSIFP

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:		
KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LEWTSFSKPK PARDRKGNGN	50	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:		
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		15
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		20
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		25
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:		30
CTFNIESFIY LIVYRTFHHY THLLHNILTS IFKFECTSSF SFNLVKPVIH TNVYCElSEG60		
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:		35
(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		40
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		45
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		50
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:		55
EESFVFLIHS FVNRYKGTNV LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFPKNIFI60		
EKGITLS	67	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:		60
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren		
		65

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVF VIFFLN 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IHWSWPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCAYS RSLKIIIVYL LSITLGK 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP

54

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT

45

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV

43

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSI STFISLNDKM KKLIIISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60  
DPRNTFPASY PKCF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAASR RFPQPDITIG DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60  
KDSDSLHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTTG120



# DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LPLMMPPLTC190  
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV AMNRLFVGS1 PXSKEQIL240  
EEFSKVTEGL TDVILYHQP DKKKNRGFCF LEYEDHKTA QARRRLIEW 289

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKV G IWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPY NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

42

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHL PQSLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLLSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSIILM GKLRLRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60  
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAGF YCYLGAHSC60  
SGVWDSFKGF FRHLTNS 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSDAHAQ GASIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60  
ERDQF 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKPGDG LTCYASSNDI FFFFFSVGER RETLKHAPPI60  
FVGRDN 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTTLPN NTSLECKKY YWRWKSRTA MGRRPRGD 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGV160

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPFA SDLL

44

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65

# DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPBKLLTSV LGESHFVNHT SEIYMMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCFCMRLCO  
RSFSLSPFLF PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPHPVSCCT KPSLSFFRY IVRQGRRLR 60  
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARESH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTYTY IQRNLTCTH TGRYRHTVPP 60  
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQHLTYF FPAAQSLIHS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120  
LSAHCQPA 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:	
FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL	46 15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:	
(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:	
YLSLCPWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL	55 40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:	
(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren	45
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:	
RGPGLLLKPN GGPPMKLGYG RNLDISFRLP LNRETVKRSI RFHREWFPLIP NSFPHNSVFL60	65
VSMKCLES HR KPVKIFLKKK KPQKTOHLSI QWTSI	95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- 5 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 RPGVEPPLLRLPDPSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60  
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 30 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

50 GPSPYARGPG PDLPLLGGQH LSIRRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60  
VSESGNLLKR GGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- 55 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65



(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:	
EANTFLSEDG SNVLQCPSVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:	
(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren	15
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	20
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	25
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	30
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:	
PTTTLVIFLF FLSSRRKKQK DSFQTALCSL HCSFPAQAAS TGKAHVVTPTY FSEVLLFHGV60	
TLLSESKFRR QVLPLADKNH TSFL 84	35
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:	
(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren	40
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	45
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
	50
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	55
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:	
CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKG I LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60	
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120	60
GGLCEGKD 128	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:	
	65

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLQC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

5

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

10

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

30

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPFDS WQDSAGRP GT GHEHLVALLF PLENLWKTSR60  
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

35

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

55

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPFYTA IASPDASGIP VINCRCVQSL 60  
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPCNCL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120  
INLGPVMLIS EGTTSACIA QSQPEGYKGR VLGHWGTHS LWDG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

60

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCRPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60  
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120  
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEVARL IFSMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDGE180  
KQKNALGEAA RAAGFNVLR L IHEPSAALLA YGVGQDSP 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWTLTSMQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60  
YKRAEERRV PMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDQ QLVIEAYKSG120  
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLEFGG KSKGKLWPF I KKNKLMSLLT180  
GGPFSF 186

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPSCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSFG60  
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

(A) LÄNGE: 54 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

(A) LÄNGE: 276 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLGAPF YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60  
 EEKKVNIITL AETGSLDFRT FCTSLIRKP LRSLHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120  
 NHHYYIFFLF FLSMVCWII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180  
 ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLRLRTPY NLGFMQNLAD240  
 FFQCGCFGLV KPCVVDWTSQ YTMVFHPARE KVLRSV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLFKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQ PST PNHPQDRWVQ KNAPWEY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSDI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60  
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120  
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

NKWNKSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEPGQCFPS PWAWSLHSGK60  
QTSGPFPKSQ ECLAAWVLI AMF 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

NSKLVDCRME TWLLRHWVSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQQDTALHK MAAPLQLPPQ60  
PPSLHPRFG LWFLSSVTYC LRS 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

CLHNREPDIF RILSSSYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60  
PLCSDQAQGL GKHWPGSPFS EHREATAARE 90



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVELVRRTRR GCQMLKPSG LVWPRAAGQG 60  
 RAEKWSSSQI ALPSPTQPRP RWSLDSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGAEAE MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGIIIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIVTGLQD 60  
 IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPQLY TKECLERALA KNEQVKGKID TMKKFKSLII120  
 QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60  
ILSHVFRKYF RKFLNQQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
20 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRGM VRGPPFISLF60  
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
45 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTIMLQT WLLDSKLLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60  
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RMSVSEASFV CLGTTGRCCH WSCRLEFSNP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60  
 LPVQHMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL 87

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60  
 LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRIDAAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120  
 IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAAKH 150

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTKTK60  
PFVKTLKRAK NLPTV 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLFTTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60  
QTDIQTNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120  
IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180  
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFEHPEV EESLMSVFHP DLQLMNPKEI STKFRYSVF

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLQPSST PITPQILGPK KFH

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRRVF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGFR RVLKKIQ

57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

20

GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TDPD

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFRTPL RYLVEYGS HW LRSLSRCRD LPAFRKPAAI60  
SVHPWKRSVQ NAGS 74

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVKQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

STGNTCQFSC TTGYQGAEST SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

APATPASSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGPPG LRLVQWLPST

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

AAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQRRGGLQ ARRSTLLKTC 60  
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILLSALADP120  
DQYNFSSSEL GGDFEFMDDA NMCIAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180  
TLP 183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

CQHVFHCHCDF SSHDPMCYG YLRVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60  
QEYIRQLPPN FPYRDDVMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCWNC YRYINGRNSS120  
DVLVYVTSND TTVLLPPYDD ATVNGAAKEP PPPYVSA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GKGIQDMRGF CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		5
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:		10
GKGIQGMRGP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI` V	41	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:		15
(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		20
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:		35
HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPF	25	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:		40
(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		50
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:		60
TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS	29	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:		65

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SLNLLRCGWG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETH60  
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVDGETEAKL RHLMHSAACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60  
KPCGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGTP GCLHISQNYF RTIVPKSRVF 60  
TGRQNLFSP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

10

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL 53

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

35

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNCQSL DSQTNDFTV TPGID 35

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLTKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LFWTSFTKPK PAR

43

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSKVPASPR PGGTSLGPGV AAKELSFSPR NRRGQLPRP PGSLTLLFF SSPASRGPAS 60  
LSPGGIRLLL PPPHLLPGQ PACPAAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120  
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180  
KTVKGPDLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLPVW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLIF PTEMMSQ 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein



- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

15

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMOPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60  
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120  
RTMMERLHLF PDEYIPEDIL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR LWTTPEDYRL180

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60  
FLQPQGSMTS SACHKEGW 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVVEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVLNLKL VASSVAHFQF 60  
LYQASLLSFP LRMGQVCSGG HSVRFSGFG RGFKGKYS GG RMGSGVKVGD KGGRAKGGVE120  
GWGPYLDGRM PGGQ GK 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

LVYPKQGTKE PGKRS GHV KR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60  
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQELTDGQLL IF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVNVHFEHIY VLWKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNILEK CFKIQSIVFK 60  
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLSKHLL SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTLAILS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSIIKE60  
LCFYQRS LPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

LMCLNLLRRT FYSATDERDE FALDR

25

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLLSSANS SLKSVAE

47

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 55 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPPQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPVSSVFP LEWTCVQVRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

HAEQHMSILM GKLRRRLAWYR NWKCGTDEAT NFKFRTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60  
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

YILEISPLKP SLAPTSCGLM PQGFPPHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60  
VSVVLIRDVH DCQSAFLTSTV TTLRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

PTQFARPKSS RAIPGVGVWD GVDNEGILGL QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60  
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCL120  
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

5

LKQHSNQHNL LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60  
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQLPDL LS 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

35

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

55

KFQCPLIVLS AHS LAHLFTY CLWLLFFYKG RVESSQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

60

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTKE60  
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFNF CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60  
ISRKPMECNS EEVVNQGQSD GSMGKE 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:



# DE 198 18 620 A 1

GAELVFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60  
VIWSGQGWK 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

5

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTTSSEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKWKWL THKLSSAAE 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTSS CEWVIRKNEK PKDKNQRMG SVTGLSSIL NPICYCGLTK60  
CQGGD 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFGSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LKTKKYLN

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTPS VFDFCLLDPH FS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:	
	20
LILSYSEGKK NYSEIYLRL ITGILPDISN GLRVFN	36
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:	
	25
(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:	
	45
GFLIKYKLNLY LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS	30
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:	
	50
(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
	65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFAFCAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60  
PFPCYQLIW KLTIM 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPSSSLTK60  
HPH 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRYHLKP60  
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNTQNPILLR PSQDIRSFQL

50

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VLSAHSLSLHLL FTYCLWLLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPGSKHHTKS60  
FVKTLPRHKK LPTA 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLLLC 60  
LYQPWQGSRI HLVGSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120  
GNSVSYELGP WP 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGLS HPFLPHSYSL TLMKARDAG PKGKNVLSVF60  
SGFYSLVSLH 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPF SSLREWTSQS 60  
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVSGGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPSQL IADGVPFKL120  
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60  
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

PCITTTTTTKI QNNSIITRLI CVTFFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCERYF N 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

LPPQPRRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

FANWEFMGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60  
 SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSEF GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120  
 LPFSSSSSSS VSNDAPDGP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLGRASAF180  
 LKRDVGDPLV VAPAFFAVAG HLHQAVALLP VRRVRDQET MQVSGLGGL GLGRLSQELR240  
 QALHARHPHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVVH IHQLGRLVHP300  
 HCEAILALSG HQKLLHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360  
 SQRAQNLPTE LERSSKTFGK QRNPSRKGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VVPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
 ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
 PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60  
 LGGAGCWWEH GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

65

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

SESLTHPGEE PGGPPPGGAP TMATPLVAGP AALRF AAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60  
 SLRAVAPGLV RYRHHRLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120  
 TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQEQEY GEPFLAMEK LLFEYLCQLE180  
 KALPTPQAQQ LQDVLWQMGP GVSITSSLA W RQYGVDMGWL LPECSVTDSV NLAEPMEQNP240  
 PQQQLALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRRVQ SQWASTRGGH300  
 KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360  
 LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDPLRLSL PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDDEE420  
 ENGQEGEKES LENYQKTKFD TLIPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFCSE FGGEVFQNH 60  
 EPGVYVCAKC GYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSV KRPEHNRSEA LKVSCGKCGN120  
 GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

SYGATAAFLS RSEASYFRTD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQTI PTLAGLEGFD 60  
 QSGSCSDQGG GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDSL SWNWASQGRV QRQGQEKKVR120  
 V 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60  
 RPFQLOGGM ANVWPQCGGR LGWVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120  
 VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSIVLRTLQ HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180  
 LGTHVNARFK VILENLAPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240  
 NRSPEGESR 249

25

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLP SL 60  
 IQLLGRNFIL FIIFGTMEEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120  
 YTLWIPLYFL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSETLPPVP KIKVRFSEFL QIYLIMIFLG180  
 LYINFRHLYK QRRRRYGQKK KKI H 204

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

60

65

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSIQKC TVPPLTRTST QVNGLSQCRR 60  
WKAAIFYVCA QPYSLEVCLA YSNISLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLCVCVCVYV120  
CLCVCGLVWF ETGSCTVTPG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60  
IPINNIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFESHPH TCSPISKMKM SLPKCIQPPT MMLLIGIWIN 60  
ETTKPMNPPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

10

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30

DEKLSSKMYS ATNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASFNQPN 60  
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

35

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

55

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSFSPVN 60  
GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

60

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RSWSKIALTP NPNVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60  
IALLGTAWKV QAFLARSL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQELMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60  
LFLYPLKPIS RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHLGV VLYEYLGEY PEVLGSILGA 60  
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPILKN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120 5  
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKVQER QNRVCTTVAI180  
AIVAETCSPF TVLPALMNEY RVPELNVQNG VLKSLSLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240  
LMDRDLVHRQ TASAVVQHMS LGVYGFCEDE SLNHLLNYVW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300  
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYV KIYNSIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360  
IRLMNLGL 368 10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren 15  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLQQRN RVFDISSYVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60 35  
FISIKYGYV AQLLKWYICV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120  
I 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren 40  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFF HSNVYFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60 60  
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322: 65

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
 RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120  
 KVIEDRDHYI PNTLNPVFRG MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180  
 FLSRFGSHCG IPPEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPPQILSED GSRIRYGGRD240  
 YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGLQMWV300  
 DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIIPRLI420  
 IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRTIIPAK SPEKCRLDI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
 SMKGWWPCYA EKGARVMAG KVENTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540  
 SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

IRRDKAYLTF KWRDDENPLI QSFRTKRQSS DKSMTWMKCP TGALDIENFC DYVKEVDFTD60  
 NGAEANISKR NPNEFP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:	
FFLYSFSSDN HDFSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAIIV NLRTGLSWGSG EGKELFEQMC60 VGGTGFHPTA KLVLLLEISFY NTKISLCQRF 90	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:	20
(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:	40
TRSLLYFHMFLILWEEVGIPFTNVGFCSII CKVHLFHIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:	45
(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	55
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:	65

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

5

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

25

ATCDNRSKI FQLFNLECYV LLEPAICMYR INNFYSFGQV ILRQSQWIOK

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

30

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

50

PKGVVVNPGA LLSQRTTASE LSACPAPTLP GPVPSHLLIR HSLSSHSL

48

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

55

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60  
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWICWT KNYKRVQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRRSFER RVCYISFETV 60  
TLWRLFDLVV SCFLKITGIW RPKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDELDLWL DILGFPDYIV120  
LS 122

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKVCWIKAI 60  
YTLAKSKAKE IALDPESQQD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFFLQ DLAVTQDGVQ120  
WHDH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60  
SNYHCNDNLS HVTTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFFHN KVNDKKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHVLVYK60  
IFPLFKKCFC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

10

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSGL KEKTLSSIM IYHCAINQKN60  
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

15

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

NEYCSWSICI KQKTCQLLGA NTQNLVPVFF FFLTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60  
MVIRATYVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

60

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSAQSPW RGRDLKVLMS SYFTCFLLST QCKMNFHSL60  
YFRLKIDSFL VLTTLLEGTV VPGKRSRFTV PNH 93

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHL S AKIKPKQKV ELEMAIDTLN60  
PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRP RP RSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRRA EPQERGEPA GDRRPLPEWG RVSLAESPGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHFKTEEAAL CPAPGSH 157

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QOTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120  
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GVYLLYSQVL180  
FQDVTFTMGQ VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAVNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240  
RARAKLNLSP HGTFGLGVKL 260

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60  
FRDLSPLSQA SRASELCSGR LCQGYSPFW EGPPVPCSR L TSLLRLCSSV CWVSRAMAQA120  
TAPRAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWGSKEV180  
AGRVRVRAVV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRA SAPLPGLSAP GRLEFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60  
RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFS EELAVKVVGE HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120  
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASQAAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

TALAQPQASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60  
PATPDSTGLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60  
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWVG GLCLTGLGLG QGCLHHNLVS K 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

RTEEEKKKKE KNQPPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMISQLRLF EKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDFVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMCKCLCR GAELSLCFSE FLLLPLRTP VAGRNLGFPE120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSEWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFPLG GVRVVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60  
RRNRERAQRL DTDTFPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKDLG120  
QWNEEEGRRG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

(A) LÄNGE: 151 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGHLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNKIQKEK 60  
TWGNMRKRG GEEGRRLGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAAC VALARHVVFV GRLPIHPVEI120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

# DE 198 18 620 A 1

TLTAHEGRGG KCTEEDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQFEMGCQSS AAQATASVNA 60  
EEIKVARIHE CQWVEDAPN PDVLLSHKDD VKEG2GGQ2S FFELPSEL 108

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

30 KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60  
GLEHPPPTD THEYGLP 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 35 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

55 TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCHPTVFSV FPAILEFPPQT SSAPSHPKYA 60  
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120  
PL 122

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

60

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVAT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDFTFTCQ KDGRWFPERI 60  
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSUNRQVS VSCAEGYTFE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120  
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTFESTII YQCEPGYELE GNRERVQEN ROWSGGVAIC180  
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGT WSHPVPLCKP240  
NPCPVPFVIP ENALLSEKEF YVDQNVSIKC REGFLLQGHG IITCNPDETW TQTSKCEKI300  
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGTWTW PPICRAVCRF360  
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLECEPIC ILPCLNGGRC VAPYQDCPP GWTGSRCHTA420  
VCQSPCLNGG KCVRPNRCHC LSSWTGHNS RKRRTGF 457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

GVRAASKEIE ELRRAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60  
RVLQVQAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQQKQVQP QLQQAEPQK120  
QVQPVQVQQA HSQGPQVQL QQEAEPKQV QPQVQQAHF TAPRAGAAA EEAGPDDFS180  
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 292 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

GRAGRRATMF SQQQQQQQLQQ QQQQLQQQLQQ QQLQQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPPQARCH 60  
 GVSGGPPQQP QQPLLNLQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120  
 PTATLGNLRG YGMASPLGAA PSLTPPQLAT PNLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMNPSQF180  
 NLSGRNPQKQ ARTSSSTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAPRMD TPEDQDLPPC240  
 PEDIAKEKRT PAPEPECEA SELPAKRLRS SEEPTEKEPP GOLQVKAQPQ AG 292

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

PRRLPSVAVG MVRPAVSIVA GGIANWSSPC NCCKSKALCR MEPLRREAEL VPWRFRSGCC 60  
 GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWSCSNCC CCNCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCWL120  
 NMVARLPARP QRSSRPBGWA GPAAPTTPRG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

# DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPSELG 60  
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KLQAGSDLRR RRRCLCPHAE GQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120  
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNLKN KKVWLWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60  
ARAFAGAQTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG FWPSCRGSAG PEGWGHHP 119

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQOV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLQ SSPRSLAELG 60  
IQGATEVVHL DIRQGVKAND DPIPRLQTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120  
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180  
STVLCF 187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQQLSSL YGSRKNSTKM60  
TGHPMVMMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

ITKAIVFSFV FSSGYTVEVR ESLILFGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60  
NLMGPPEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:



# DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCFUGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSF FIKGLPANKV HPKYTGKAR LLQGPRV 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60  
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGP SRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60  
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120  
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

KPTKHRCCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCLCP 60  
LPQPSHPHSL RKVTYPQHSI CRQVPPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIOQVA GLCGLQLLAQ TTVTTGYLAA 60  
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFVGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRDPDIK120  
SVGRRCWTTV ARSHFFILVL LGLILLDEVG HRVPLSELES 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQLQAQTK AFEFLNHSVT 60  
MLEKESCLQQ IKIQQLEEV L SPTGRQGEKE EHKWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120 5  
SEEMQARATT RCLQLLAQEI RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180  
KMQKTQVKCR KILTKMKQQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel 15
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 25

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

FIFSLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPLWPLRL 60  
EALGQAPCHK VRLSMEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120  
SWSGFCGISP AFSAFSECSF SSLRSHPPAL GASDR 155 35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear 40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DLILLRLELL IDEGHLLPHQ FQLLPQELLA VPDLLGQQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60  
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLEFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114 60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

```
TASTLRAVFP RPASEPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120
CCYNCGKPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

```
LATAVTVDFT CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFL LIC MVAVTSQMAW 60
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120
ETSATASHST TTASTSRTP GPVARSSTLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180
GSQGRGCLF 189
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSSY RSVGCSEQQK PASSDVVLP TMSYTGFEVQG SETTLOSTYS DTSAQPTCDY 60  
GYGTWNSGTN RGYEGYGYGY GYGQDNTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120  
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGS GG ERYDSYESCD SRAVLSERDL YRSGYDYSEL180  
DPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240  
QCMSGASRLA LPLLPEHHPR VRHVPAGEV GAPSRASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300  
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPAALLTGT SI RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60  
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQTCTGPGP PWGLPTCAHS LRPLAGRSGH PGSPVPWDR120  
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGGARC SHSLTGTGRA HSGRPSSRRT HKSHTFLHLS180  
RTRLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60  
TARGQAGSSS AMAAQRLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120  
LDVEKWIDGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFTQ180  
ELLAKLQGLH RQPGLRQPS SHDGSLSPLQ DRARTAHF 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLKQQAG SFSQEGCKGE NILSFLQGN HCPGVPAAGR HNLSKVQGM L ARKGGILDCC 60  
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRRS ECIFHHAAAG60  
CWPRFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTTMK LIYFPI 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFPPS ECREIIALVC QPVVGTTFQK FKGWCLEKEV FWIAASSQNP 60  
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120  
YSGIVGPDDW HSDSQLWFWE NIRGS 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 429 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

RQFEITSISV DVWHILEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60  
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQKKEPPC FLQCFQGGMV120  
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNVNKALIYL180  
WHGCKAQAHT KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240  
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDFA ATEFVYPARA PSVVSSMPFL QEDLYSAPQP300  
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360  
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420  
RPLPEGSIL 429

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCDSL DVLSVLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLLGGW FLEIFSFAYL 60  
EHSLLHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEGHGT120  
DHRGGSGRVH KLCGCKIPRG AAEDQAGRE VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

(A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGF ASVPQVDEGL 60  
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPLE120  
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVDALL FAGCPHRVLS180  
LLATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDHGNAGD LKLP 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:



# DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHR KYYFLSYGFW60  
FTGLRGFSEY LWPQHTQFP S 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTFLKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60  
A 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

PPDFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDVLG FLEANKIGFE 60  
EKDIAANEEN RKWMRENVPE NSRPATGYPL PPQIFNESQY RGOYDAFFEA RENNAVYAFL120  
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60  
EGWGKVEGEL ARAPPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

# DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI3FIAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKQCL RFMLAALLAL60  
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHSP RDTGFH 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

FIMLHIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHHDVV 60  
ACDFSPDQAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120  
HDGLHVASLA DDKNVFVWRI DEDYPVQVAP LSNGLCCAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180  
PFQVPSLQHL CFMSIFRVMP TQEVQELPIP SKLLEFLSYR I 221

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESF QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDDEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFPIS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKLLLAFL SRLVAVLHFP SFLGLKPEFLH FHC RVFP CRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

#### Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24–127.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1–127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128-390.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128-390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor.
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können. 10
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen-tumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128-390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor. 15
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128-390.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

---

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

---

30

35

40

45

50

55

60

65

- Leerseite -

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Daten- bank

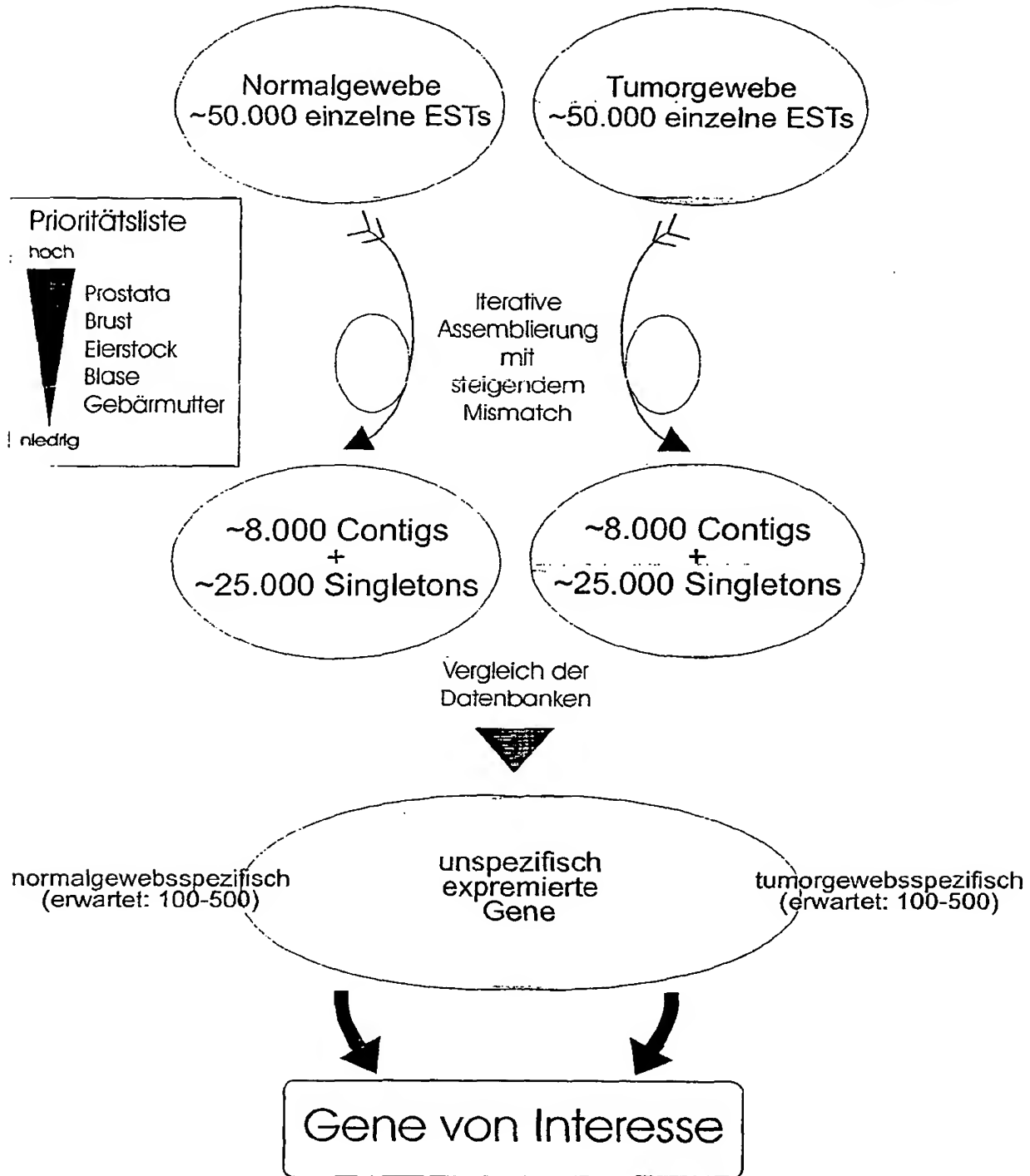


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

**~50.000 ESTs pro Gewebe**



Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)



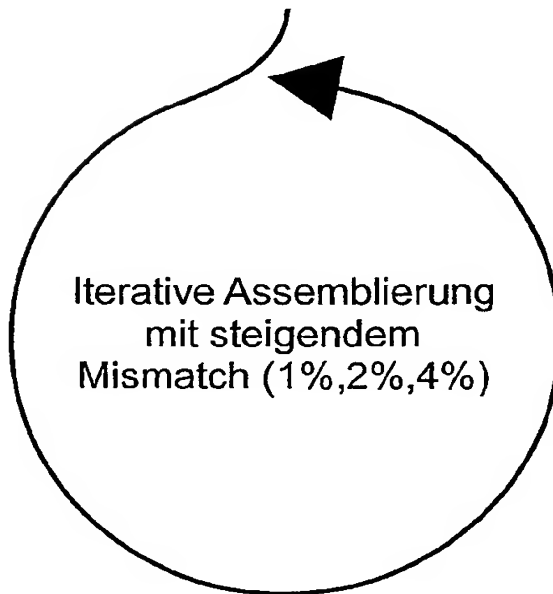
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)

**5000-6000 Contigs    ~25.000 übrige Singletons**



**~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe**

Fig. 2a



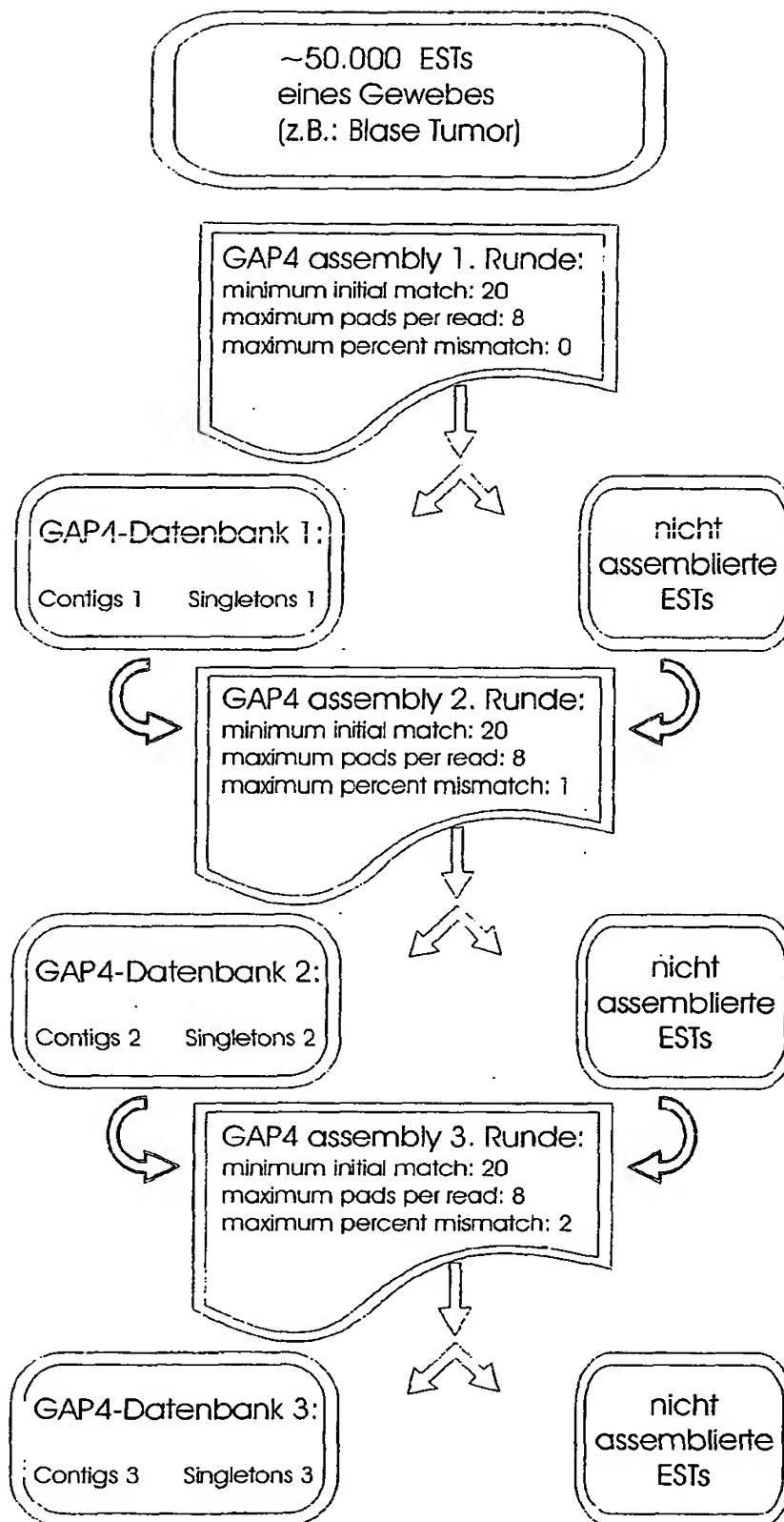


Fig. 2b1

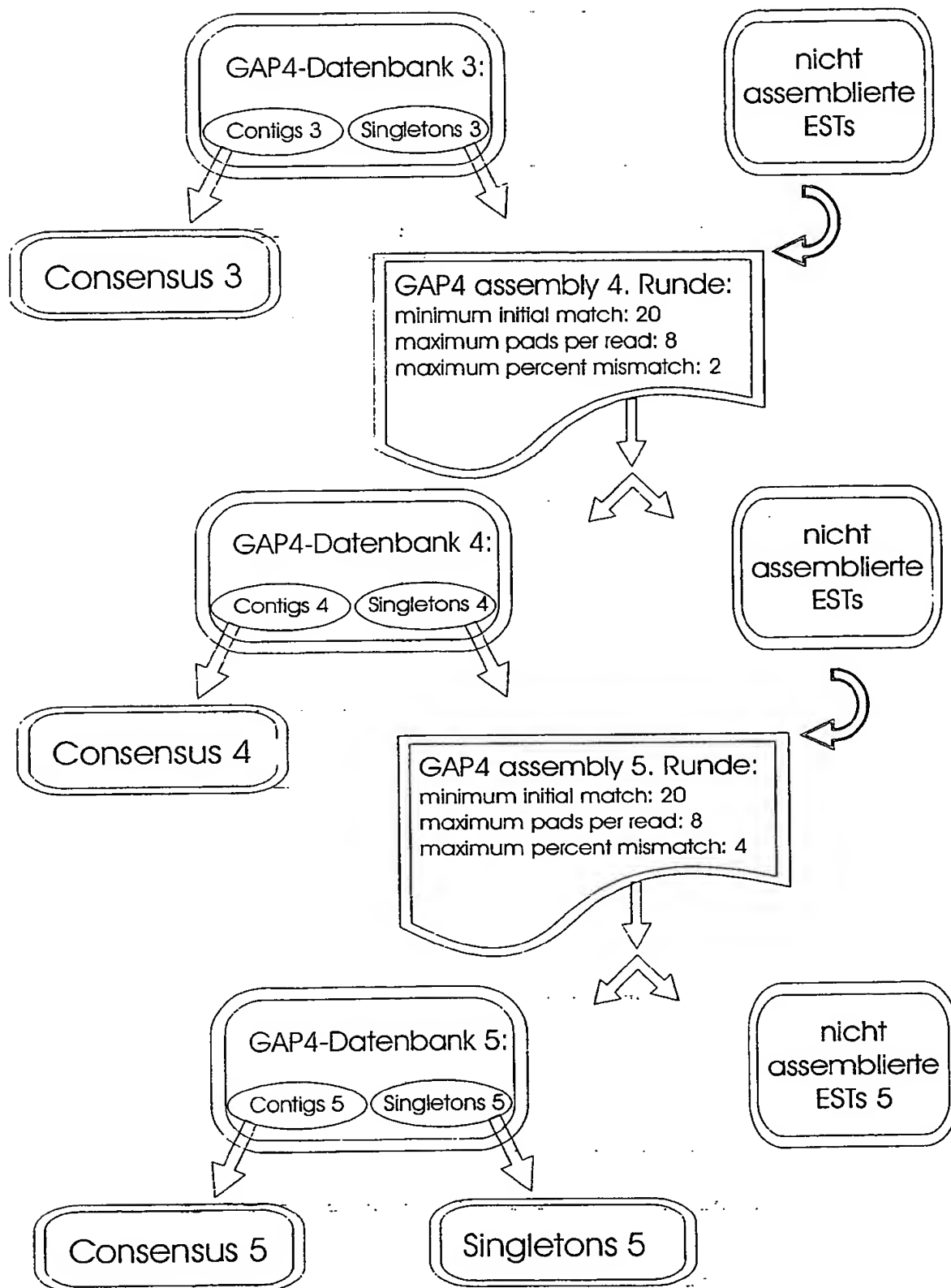


Fig. 2b2

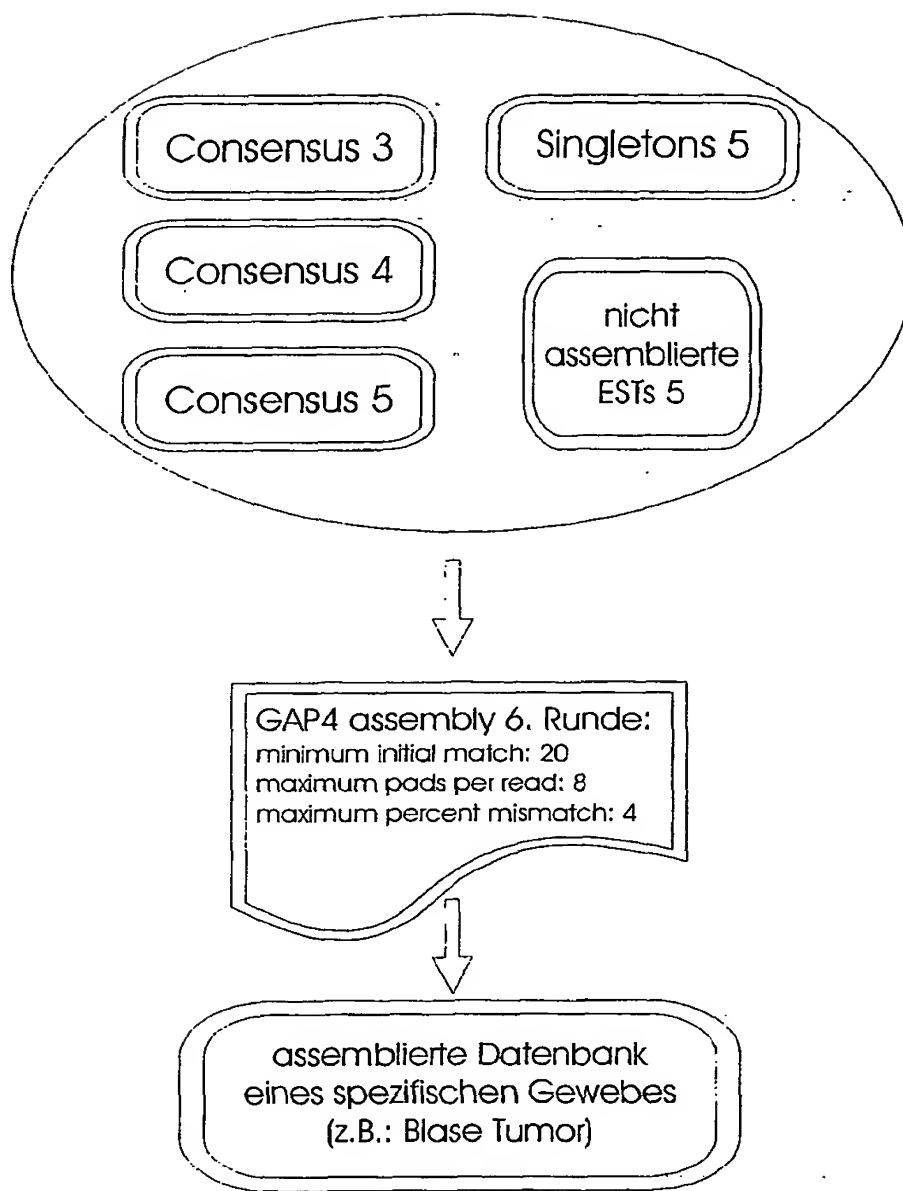


Fig. 2b3

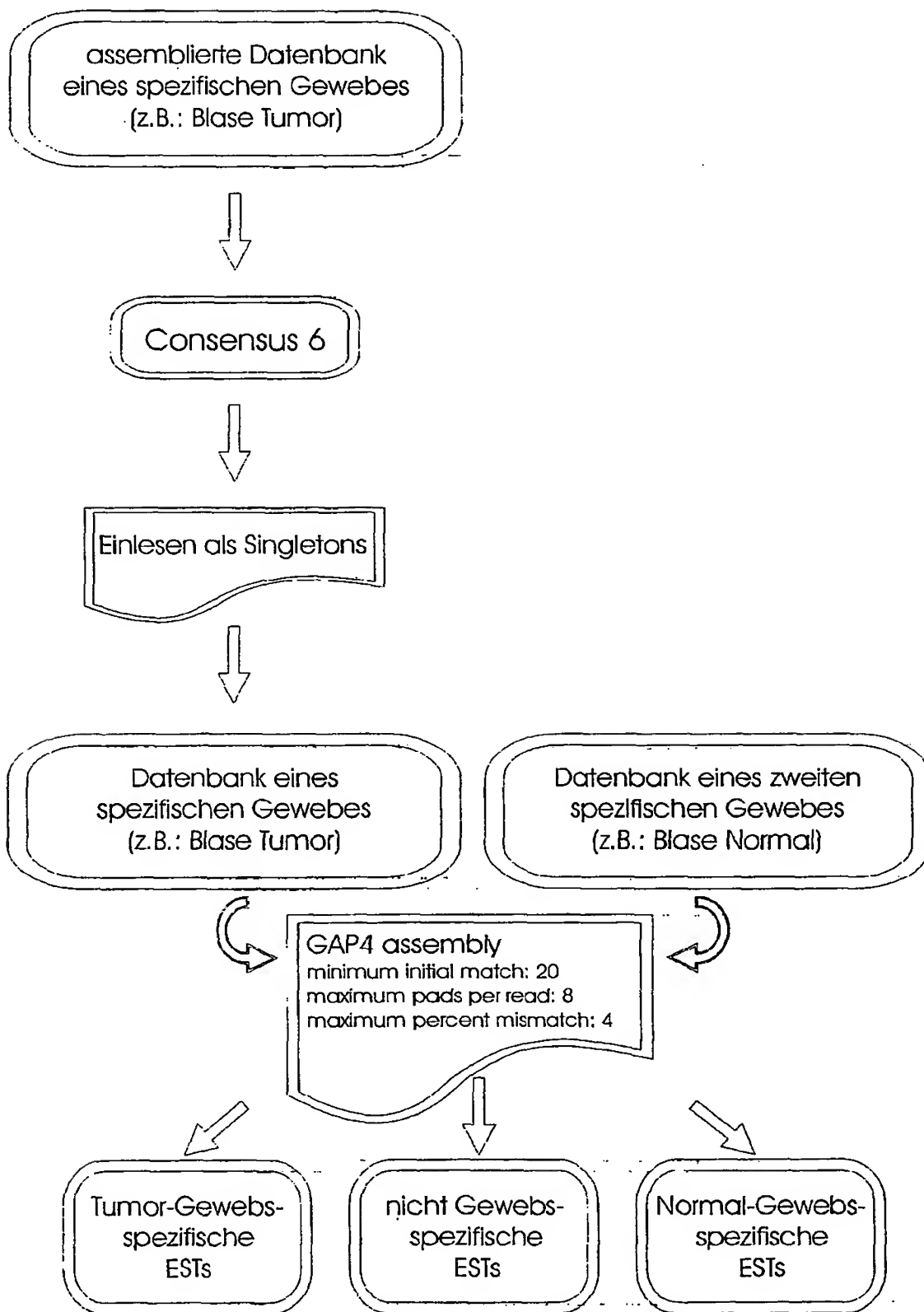


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

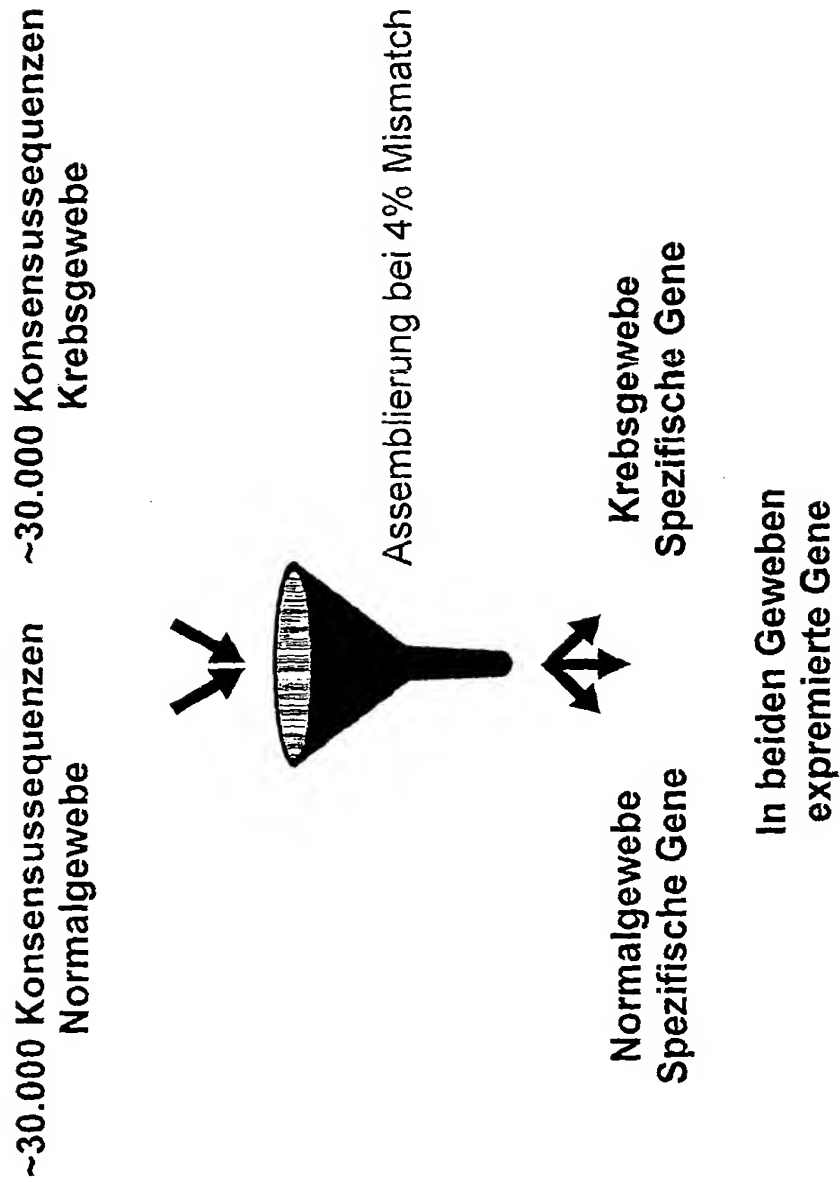
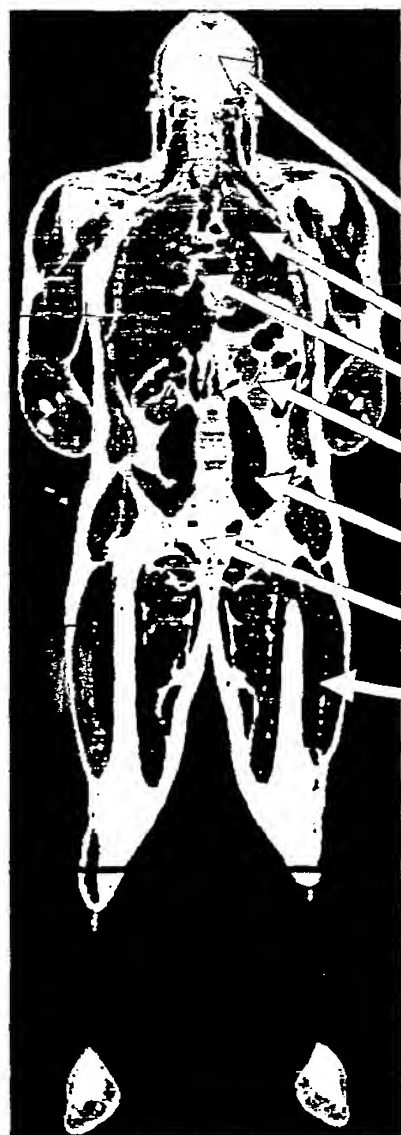


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

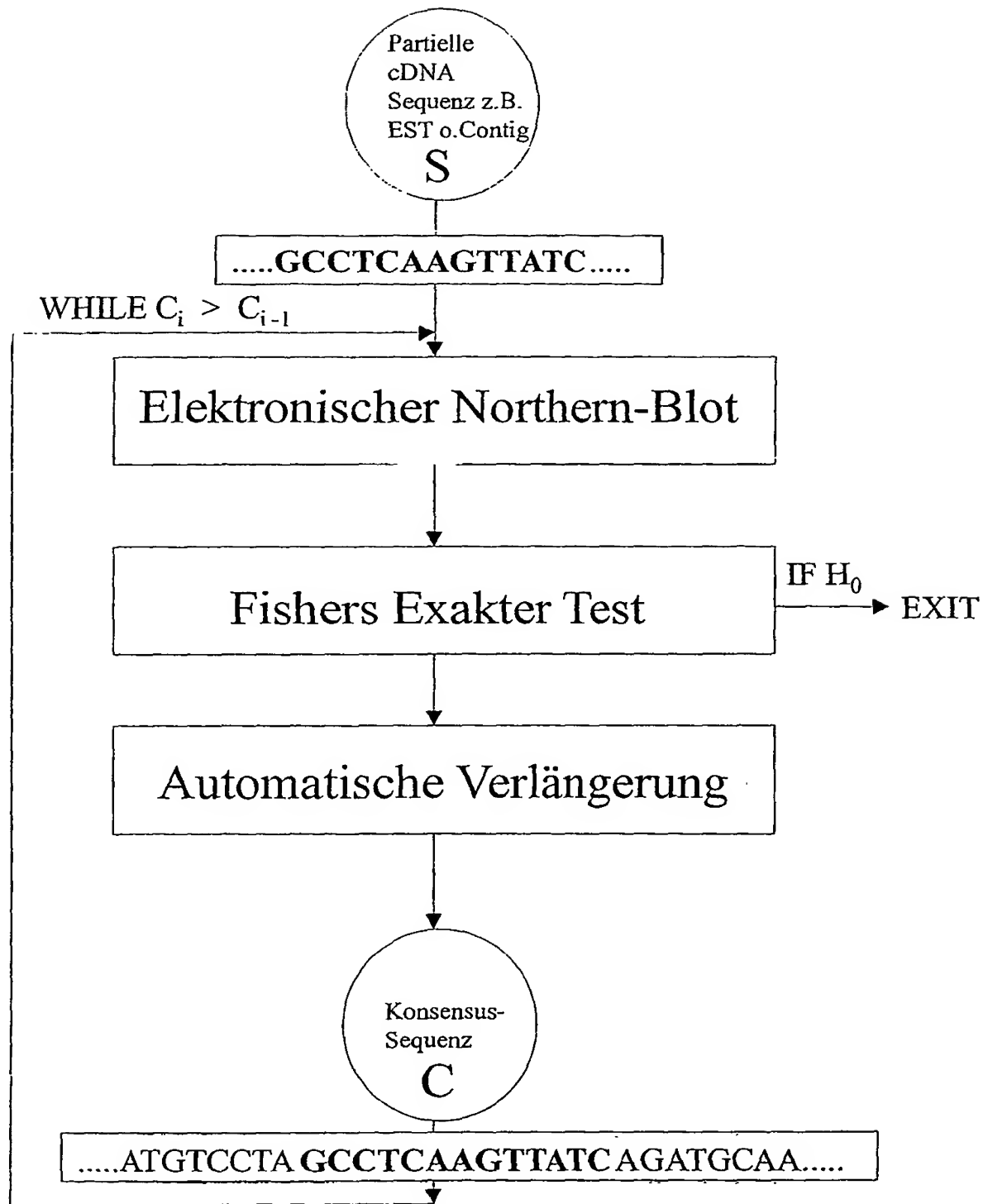


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen.



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5